



①9 BUNDESREPUBLIK
DEUTSCHLAND



DEUTSCHES
PATENT- UND
MARKENAMT

①2 **Offenlegungsschrift**
①0 **DE 198 11 194 A 1**

②1 Aktenzeichen: 198 11 194.0
②2 Anmeldetag: 10. 3. 98
④3 Offenlegungstag: 16. 9. 99

*applic. #
of 198 11 194.0
public. date*

⑤1 Int. Cl.⁶:
C 07 K 14/82
C 07 K 7/08
C 07 K 16/32
C 12 N 15/11
C 07 H 21/04
C 12 N 15/63
C 12 N 1/00
C 12 N 5/10
A 61 K 38/17
A 61 K 38/10
A 61 K 48/00

DE 198 11 194 A 1

// C12N 15/70,15/79, 15/81,15/85, 1/19(C12N 1/21,C12R 1:19)G01N 33/68

⑦1 Anmelder:
metaGen Gesellschaft für Genomforschung mbH,
14195 Berlin, DE

⑦4 Vertreter:
Klose, W., Dipl.-Chem.Dr.rer.nat., Pat.-Ass., 13505
Berlin

⑦2 Erfinder:
Specht, Thomas, Dipl.-Bio.-Chem. Dr., 12209 Berlin,
DE; Hinzmann, Bernd, Dipl.-Chem. Dr., 13127 Berlin,
DE; Schmitt, Armin, Dipl.-Phys. Dr., 14197 Berlin,
DE; Pilarsky, Christian, Dipl.-Biol. Dr., 01474
Schönfeld-Weißig, DE; Dahl, Edgar, Dipl.-Biol. Dr.,
14480 Potsdam, DE; Rosenthal, André, Prof.
Dipl.-Chem. Dr., 10115 Berlin, DE

Die folgenden Angaben sind den vom Anmelder eingereichten Unterlagen entnommen

- ⑤4 Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Prostatagewebe
⑤7 Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen -
mRNA, cDNA, genomische Sequenzen - aus normalem
Prostatagewebe, die für Genprodukte oder Teile davon
kodieren und deren Verwendung beschrieben.
Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen
Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

DE 198 11 194 A 1

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen-mRNA, cDNA, genomische Sequenzen- aus normalem Prostatagewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren und deren Verwendung.

Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

Eine weit verbreitete Krebsart ist der Prostatakrebs, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, die auf einer Blockierung von Hormonwirkungen beruhen, sind sehr häufig nach wenigen Jahren wirkungslos, da der Tumor hormonunabhängig wird, d. h. ohne Hormonwirkung weiterwächst und Metastasen bildet.

Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z. B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Kandidatengenen, d. h. Genen, die verglichen mit dem Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht.

ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d. h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z. T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie repräsentieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind (s. Fig. 1).

Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig. 3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehendst vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1-2b4 dargestellt.

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 64 gefunden werden, die als Kandidatengene bei Prostatakrebs eine Rolle spielen.

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos. 3, 4, 6, 8, 11, 15, 17, 21, 23, 24, 26, 33, 35, 36, 40, 43, 45, 46, 50, 53 und 56-62.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

- a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos. 3, 4, 6, 8, 11, 15, 17, 21, 23, 24, 26, 33, 35, 36, 40, 43, 45, 46, 50, 53 und 56-62
- b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen
- oder
- c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID Nos. 3, 4, 6, 8, 11, 15, 17, 21, 23, 24, 26, 33, 35, 36, 40, 43, 45, 46, 50, 53 und 56-62 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 64, die im normalen Prostatagewebe erhöht exprimiert sind.

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID Nos. 3, 4, 6, 8, 11, 15, 17, 21, 23, 24, 26, 33, 35, 36, 40, 43, 45, 46, 50, 53 und 56-62 hybridisieren.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 2500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 2000 bp, insbesondere eine Länge von 400 bis 1900 bp auf.

Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID Nos. 3, 4, 6, 8, 11, 15, 17, 21, 23, 24, 26, 33, 35, 36, 40, 43, 45, 46, 50, 53 und 56-62 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

In der Literatur sind eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen:

1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, ϕ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTre99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia),
2. eukaryontische, wie z. B. pWLeo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P_R, tre, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren. Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq. ID Nos. 67 70, 71, 73 81, 84 89, 93 109, 111 114, 116 137, 139 149, 153 164, 166 172, 181 182, 188 193 und 196 216.

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der Seq. ID Nos. 67 70, 71, 73 81, 84 89, 93 109, 111 114, 116 137, 139 149, 153 164, 166 172, 181 182, 188 193 und 196 216 aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID 64 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID Nos. 65 bis Seq. ID No. 216 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Prostatakrebs verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 64 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Prostata-Krebs verwendet werden können.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 65 bis Seq. ID No. 216 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Prostata-Krebses, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Prostata-Krebses.

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 65 bis Seq. ID No. 216 enthalten.

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 64, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/oder Enhancern.

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 64, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

Nukleinsäuren = Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollständige cDNA und genomische Gene (Chromosomen).

ORF = Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.

Contig = Eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt

werden können (Consensus).

Singleton = Ein Contig, der nur eine Sequenz enthält.

Erklärung zu den Alignmentparametern

minimal initial match = minimaler anfänglicher Identitätsbereich
 maximum pads per read = maximale Anzahl von Insertionen
 maximum percent mismatch = maximale Abweichung in %

Erklärung der Abbildungen

Fig. 1 zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.

Fig. 2a zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung

Fig. 2b1-2b4 zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung

Fig. 3 zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

Fig. 4a zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.

Fig. 4b zeigt den elektronischen Northern

Fig. 5 zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

Beispiel 1

Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengen

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet (s. **Fig. 2a** und **2b1-2b4**).

Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der normal Prostata-Gewebe ESTs.

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (s. **Fig. 3**). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren).

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet.

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. **Fig. 4a** und **Fig. 4b**). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

Beispiel 2

Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. **Fig. 4b**).

2.1 Elektronischer Northern-Blot

Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) J. Mol. Biol. 215, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schaffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) Nucleic Acids Research 25, 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 85 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben ge-

ordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebe-spezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

2.1.1

5

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 10 gefunden, die 4x stärker im normalen Prostatagewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft humanes MVI-1.

Das Ergebnis ist wie folgt:

10

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 10

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef	15
Brust	0.0040	0.0022	1.8347	0.5450	
Eierstock	0.0061	0.0052	1.1686	0.8557	
Endokrines Gewebe	0.0055	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000	20
Gehirn	0.0017	0.0088	0.1935	5.1673	
Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef	
Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000	25
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0050	0.0024	2.1069	0.4746	
Magen-Speiseröhre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0030	0.0068	0.4342	2.3033	30
Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0095	0.0021	4.4745	0.2235	
Uterus	0.0017	0.0071	0.2321	4.3088	
Brust-Hyperplasie	0.0145				35
Duenn darm	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0149				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0026				40

FOETUS
%Haeufigkeit

Entwicklung	0.0000	45
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Herz-Blutgefäesse	0.0041	
Lunge	0.0111	50
Niere	0.0124	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Haeufigkeit

Brust	0.0000	55
Eierstock-Uterus	0.0000	
Endokrines Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0082	60
Gastrointestinal	0.0244	
Haematopoetisch	0.0114	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	65
Nerven	0.0040	
Prostata	0.0128	
Sinnesorgane	0.0000	

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 18 gefunden, die 6x stärker im normalen Prostatagewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

5 Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 18

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
10	Blase 0.0279	0.0026	10.9109	0.0917
	Brust 0.0040	0.0022	1.8347	0.5450
	Eierstock 0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0018	0.0000	undef	0.0000
15	Gastrointestinal 0.0116	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0042	0.0033	1.2902	0.7751
	Haematopoetisch 0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000	undef
20	Herz 0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0034	0.0000	undef	0.0000
25	Niere 0.0089	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0019	0.0055	0.3428	2.9168
	Penis 0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0119	0.0021	5.5932	0.1788
	Uterus 0.0033	0.0071	0.4642	2.1544
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
30	Duenn darm 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0030			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017			

FOETUS
%Haeufigkeit

40	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0039
	Herz-Blutgefuesse 0.0000
45	Lunge 0.0000
	Niere 0.0124
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Haeufigkeit

50	Brust 0.0272
	Eierstock-Uterus 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0012
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0065
	Hoden 0.0000
60	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0020
	Prostata 0.0192
	Sinnesorgane 0.0000

65

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 24 gefunden, die 5x stärker im

normalen Prostatagewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereichs betrifft das Gegenstück eines unbekannten Gens Hefe Chromosom XVI.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 24

5

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0153	0.0000	undef	10
Brust	0.0120	0.0131	0.9174	1.0901	
Eierstock	0.0091	0.0208	0.4382	2.2819	
Endokrines_Gewebe	0.0146	0.0191	0.7655	1.3064	
Gastrointestinal	0.0233	0.0143	1.6285	0.6141	
Gehirn	0.0034	0.0077	0.4423	2.2607	
Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000	15
Haut	0.0149	0.0847	0.1762	5.6754	
Hepatisch	0.0000	0.0518	0.0000	undef	
Herz	0.0095	0.0275	0.3468	2.8832	
Hoden	0.0061	0.0234	0.2612	3.8288	
Lunge	0.0100	0.0165	0.6020	1.6612	20
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6300	1.5874	
Muskel-Skelett	0.0051	0.0180	0.2855	3.5025	
Niere	0.0059	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0038	0.0221	0.1714	5.8337	
Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef	25
Prostata	0.0214	0.0043	5.0338	0.1987	
Uterus	0.0116	0.0142	0.8123	1.2311	
Brust-Hyperplasie	0.0182				
Duenn darm	0.0093				
Prostata-Hyperplasie	0.0178				
Samenblase	0.0089				30
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0061				

FOETUS
%Haeufigkeit

35

Entwicklung	0.0307				
Gastrointestinal	0.0123				
Gehirn	0.0125				40
Haematopoetisch	0.0118				
Herz-Blutgefasse	0.0082				
Lunge	0.0000				
Niere	0.0062				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0140				45

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Haeufigkeit

Brust	0.0136				50
Eierstock-Uterus	0.0068				
Endokrines_Gewebe	0.0245				
Foetal	0.0041				
Gastrointestinal	0.0122				
Haematopoetisch	0.0057				55
Haut-Muskel	0.0032				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0010				
Prostata	0.0000				60

2.1.4

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 30 gefunden, die 4x stärker im normalen Prostatagewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

65

Die mögliche Funktion dieses Genbereichs betrifft das Gegenstück eines Gens von thaliana von Caenorhabditis elegans.

Das Ergebnis ist wie folgt:

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000.	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0040	0.0022	1.8347	0.5450
	Eierstock	0.0152	0.0026	5.8431	0.1711
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0054	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0025	0.0044	0.5806	1.7224
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0025	0.0024	1.0534	0.9493
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0095	0.0021	4.4745	0.2235
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenndarm	0.0031			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			

30
FOETUS
%Haeufigkeit

	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0092
35	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
40	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

45
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Haeufigkeit

	Brust	0.0068
	Eierstock-Uterus	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0006
50	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
55	Nerven	0.0030
	Prostata	0.0192
	Sinnesorgane	0.0000

60 2.1.5

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 43 gefunden, die 6x stärker im normalen Prostatagewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

65

DE 198 11 194 A 1

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 43

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0120	0.0044	2.7521	0.3534	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698	1.4930	
Gastrointestinal	0.0058	0.0048	1.2214	0.8187	10
Gehirn	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0122	0.0000	undef	0.0000	15
Lunge	0.0012	0.0024	0.5267	1.8986	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef	
Niere	0.0059	0.0068	0.8683	1.1517	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0119	0.0021	5.5932	0.1788	
Uterus	0.0050	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0145				
Duenndarm	0.0000				25
Prostata-Hyperplasie	0.0030				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0035				
FOETUS					30
%Haeufigkeit					
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0031				35
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0039				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0037				
Niere	0.0062				
Prostata	0.0000				40
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					45
%Haeufigkeit					
Brust	0.0000				
Eierstock-Uterus	0.0137				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0035				
Gastrointestinal	0.0000				50
Haematopoetisch	0.0057				
Haut-Muskel	0.0065				
Hoden	0.0078				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0050				55
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
2.1.5					60

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 59 gefunden, die 5x stärker im normalen Prostatagewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0051	1.8185	0.5499
	Brust	0.0067	0.0022	3.0579	0.3270
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0027	3.3489	0.2986
	Gastrointestinal	0.0058	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0068	0.0088	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0183	0.0117	1.5671	0.6381
	Lunge	0.0062	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0180	0.8565	1.1675
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0057	0.0166	0.3428	2.9168
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0333	0.0064	5.2203	0.1916
	Uterus	0.0132	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0145			
	Duenndarm	0.0125			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0131			

30
FOETUS
%Haeufigkeit

	Entwicklung	0.0000
35	Gastrointestinal	0.0123
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0123
	Lunge	0.0143
	Niere	0.0062
40	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

45
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Haeufigkeit

	Brust	0.0272
	Eierstock-Uterus	0.0063
	Endokrines_Gewebe	0.0245
50	Foetal	0.0082
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0253
	Hoden	0.0000
55	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0064
	Sinnesorgane	0.0000

60 In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northernns gefunden:

65

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0046	0.0204	0.2273	4.3993	5
Brust	0.0067	0.0240	0.2780	3.5972	
Eierstock	0.0122	0.0208	0.5843	1.7114	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0950	0.0381	2.4937	0.4010	
Gehirn	0.0008	0.0011	0.7741	1.2918	10
Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0249	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef	
Lunge	0.0137	0.0118	1.1588	0.8630	15
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0038	0.0055	0.6857	1.4584	
Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef	20
Prostata	0.0453	0.0170	2.6568	0.3764	
Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Duenn darm	0.0405				
Prostata-Hyperplasie	0.0416				25
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0353				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	30
Gastrointestinal	0.0031	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	35
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0111	
Niere	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	40

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	
Eierstock-Uterus	0.0023	45
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0052	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	50
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	
Prostata	0.0449	
Sinnesorgane	0.0387	55

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0418	0.0393	1.0911	0.9165
	Brust	0.0267	0.0218	1.2232	0.8176
	Eierstock	0.0122	0.0052	2.3372	0.4279
	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0109	0.5023	1.9907
	Gastrointestinal	0.0136	0.0048	2.8499	0.3509
	Gehirn	0.0093	0.0142	0.6550	1.5267
10	Haematopoetisch	0.0224	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0099	0.0847	0.1175	8.5131
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0234	0.2612	3.8288
15	Lunge	0.0137	0.0071	1.9313	0.5178
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0230	0.8399	1.1905
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7130	0.5838
	Niere	0.0089	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0076	0.0110	0.6857	1.4584
20	Penis	0.0269	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0143	0.0021	6.7118	0.1490
	Uterus	0.0463	0.0356	1.2997	0.7694
	Brust-Hyperplasie	0.0109			
	Duenn darm	0.0312			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0267			
	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0174			

30		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0123
	Gehirn	0.0125
35	Haematopoetisch	0.0039
	Herz-Blutgefasse	0.0041
	Lunge	0.0370
	Niere	0.0124
	Prostata	0.0748
40	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.1156
45	Eierstock-Uterus	0.0525
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0082
	Gastrointestinal	0.0366
	Haematopoetisch	0.0000
50	Haut-Muskel	0.0194
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0151
	Prostata	0.0385
55	Sinnesorgane	0.0000

60

65

5
10
15
20
25
30
35
40
45
50
55
60
65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0051	1.8185	0.5499
	Brust	0.0053	0.0022	2.4463	0.4088
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1686	0.8557
	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0008	0.0055	0.1548	6.4591
10	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0089	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0038	0.0055	0.6857	1.4584
20	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0048	0.0021	2.2373	0.4470
	Uterus	0.0116	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenn darm	0.0000			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

30		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestenstinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
35	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0062
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0279

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
45	Eierstock-Uterus	0.0137
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0134
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
50	Haut-Muskel	0.0518
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0060
	Prostata	0.0128
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	30
Entwicklung	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0188	
Haematopoetisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0123	35
Lunge	0.0074	
Niere	0.0000	
Prostata	0.0499	
Sinnesorgane	0.0000	

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0091
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0029
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0065
Hoden	0.0000
Lunge	0.0082
Nerven	0.0000
Prostata	0.0128
Sinnesorgane	0.0000

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0026	1.8185	0.5499
	Brust	0.0053	0.0022	2.4463	0.4088
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1686	0.8557
	Endokrines Gewebe	0.0055	0.0109	0.5023	1.9907
	Gastrointestinal	0.0136	0.0048	2.8499	0.3509
10	Gehirn	0.0068	0.0066	1.0321	0.9689
	Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0050	0.0129	0.3826	2.6139
	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0117	0.5224	1.9144
15	Lunge	0.0100	0.0024	4.2137	0.2373
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0059	0.0068	0.8683	1.1517
	Pankreas	0.0170	0.0055	3.0855	0.3241
20	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0095	0.0021	4.4745	0.2235
	Uterus	0.0017	0.0142	0.1160	8.6176
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duennndarm	0.0062			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0096			

30		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0125
35	Haematopoetisch	0.0079
	Herz-Blutgefasse	0.0123
	Lunge	0.0037
	Niere	0.0062
	Prostata	0.0000
40	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0204
	Eierstock-Uterus	0.0205
	Endokrines Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0052
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
50	Haut-Muskel	0.0130
	Hoden	0.0234
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0070
	Prostata	0.0128
55	Sinnesorgane	0.0000

60

65

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0093	0.0077	1.2123	0.8249	5
Brust	0.0107	0.0131	0.8154	1.2263	
Eierstock	0.0030	0.0078	0.3895	2.5671	
Endokrines_Gewebe	0.0146	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0097	0.0143	0.6786	1.4737	
Gehirn	0.0170	0.0088	1.9353	0.5167	10
Haematopoetisch	0.0093	0.0378	0.2587	3.8650	
Haut	0.0293	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef	
Herz	0.0159	0.0137	1.1561	0.8650	
Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0112	0.0142	0.7901	1.2657	15
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8565	1.1675	
Niere	0.0173	0.0063	2.6050	0.3839	
Pankreas	0.0038	0.0387	0.0980	10.2089	
Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000	20
Prostata	0.0095	0.0021	4.4745	0.2235	
Uterus	0.0099	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0109				
Duenn darm	0.0125				
Prostata-Hyperplasie	0.0119				25
Samenblase	0.0356				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0096				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	30
Gastrointestinal	0.0031	
Gehirn	0.0183	
Haematopoetisch	0.0039	35
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0143	
Niere	0.0135	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	40

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0063	
Eierstock-Uterus	0.0068	45
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0023	
Gastrointestinal	0.0244	
Haematopoetisch	0.0057	
Haut-Muskel	0.0162	50
Hoden	0.0078	
Lunge	0.0492	
Nerven	0.0161	
Prostata	0.0192	
Sinnesorgane	0.0077	55

60

65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0120	0.0109	1.1008	0.9084
	Eierstock	0.0061	0.0052	1.1686	0.8557
	Endokrines_Gewebe	0.0146	0.0136	1.0716	0.9331
	Gastrointestinal	0.0155	0.0143	1.0857	0.9211
	Gehirn	0.0136	0.0142	0.9527	1.0496
10	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0050	0.0065	0.7651	1.3069
	Herz	0.0170	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
15	Lunge	0.0112	0.0095	1.1851	0.8438
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8565	1.1675
	Niere	0.0119	0.0068	1.7366	0.5758
	Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000
20	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0143	0.0064	2.2373	0.4470
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duennndarm	0.0000			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0113			

30		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0123
	Gehirn	0.0063
35	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0164
	Lunge	0.0037
	Niere	0.0185
	Prostata	0.0000
40	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0068
45	Eierstock-Uterus	0.0046
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0070
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0114
50	Haut-Muskel	0.0291
	Hoden	0.0156
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0191
	Prostata	0.0064
55	Sinnesorgane	0.0155

60

65

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0232	0.0026	9.0924	0.1100	5
Brust	0.0187	0.0027	2.1405	0.4672	
Eierstock	0.0122	0.0156	0.7791	1.2836	
Endokrines_Gewebe	0.0219	0.0136	1.6075	0.6221	
Gastrointestinal	0.0116	0.0190	0.6107	1.6375	
Gehirn	0.0119	0.0142	0.8337	1.1995	10
Haematopoetisch	0.0126	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0199	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0099	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0159	0.0137	1.1561	0.8650	
Hoden	0.0122	0.0351	0.3482	2.8716	
Lunge	0.0187	0.0378	0.4938	2.0251	15
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0307	0.3150	3.1748	
Muskel-Skelett	0.0103	0.0120	0.8565	1.1675	
Niere	0.0238	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0076	0.0055	1.3713	0.7292	
Penis	0.0180	0.0267	0.6739	1.4840	20
Prostata	0.0214	0.0085	2.5169	0.3973	
Uterus	0.0132	0.0285	0.4642	2.1544	
Brust-Hyperplasie	0.0291				
Duenn darm	0.0156				
Prostata-Hyperplasie	0.0268				25
Samenblase	0.0356				
Sinnesorgane	0.0235				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0131				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0307	30
Gastrointestinal	0.0247	
Gehirn	0.0063	
Haematopoetisch	0.0236	35
Herz-Blutgefäesse	0.0286	
Lunge	0.0111	
Niere	0.0371	
Prostata	0.0997	
Sinnesorgane	0.0279	40

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0068	45
Eierstock-Uterus	0.0023	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0064	
Gastrointestinal	0.0122	
Haematopoetisch	0.0057	
Haut-Muskel	0.0065	50
Hoden	0.0312	
Lunge	0.0082	
Nerven	0.0050	
Prostata	0.0064	
Sinnesorgane	0.0000	55

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143	1.2281
	Gehirn	0.0042	0.0033	1.2902	0.7751
10	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
15	Lunge	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0059	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0048	0.0021	2.2373	0.4470
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duennndarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
25	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			

30		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
35	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
40	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
45	Eierstock-Uterus	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0035
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0162
50	Hoden	0.0078
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0000
55	Sinnesorgane	0.0000

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0027	0.0044	0.6116	1.6351	
Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef	
Endokrines Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698	1.4930	
Gastrointestinal	0.0078	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0034	0.0011	3.0964	0.3230	10
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0112	0.0000	undef	0.0000	15
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5710	1.7513	
Niere	0.0039	0.0068	1.3025	0.7678	
Pankreas	0.0076	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Prostata	0.0048	0.0021	2.2373	0.4470	
Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0036				
Duenn darm	0.0156				
Prostata-Hyperplasie	0.0089				25
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0052				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	30
Gastrointestinal	0.0031	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	35
Herz-Blutgefasse	0.0000	
Lunge	0.0074	
Niere	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0140	40

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	
Eierstock-Uterus	0.0046	45
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0047	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0057	
Haut-Muskel	0.0130	50
Hoden	0.0156	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0030	
Prostata	0.0064	
Sinnesorgane	0.0000	55

60

65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Brust	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0017	0.0066	0.2580	3.8754
10	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
15	Lunge	0.0087	0.0071	1.2290	0.8137
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4275	0.7005
	Niere	0.0000	0.0137	0.0000	undef
	Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000
20	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0021	2.2373	0.4470
	Uterus	0.0066	0.0071	0.9283	1.0772
	Brust-Hyperplasie	0.0218			
	Duenn darm	0.0062			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

30		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
35	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0041
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
40	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
45	Eierstock-Uterus	0.0023
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0017
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
50	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0060
	Prostata	0.0000
55	Sinnesorgane	0.0000

60

65

5
10
15
20
25
30
35
40
45
50
55
60
65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0008	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0012	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
25	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

30
FOETUS
%Haeufigkeit

35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0037
40	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

45
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Haeufigkeit

50	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0047
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
55	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0192
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
Blase 0.0046	0.0000	undef	0.0000
Brust 0.0120	0.0022	5.5042	0.1817
Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
Gastrointestinal 0.0019	0.0048	0.4071	2.4562
Gehirn 0.0085	0.0219	0.3871	2.5836
Haematopoetisch 0.0014	0.0000	undef	0.0000
Haut 0.0050	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch 0.0000	0.0259	0.0000	undef
Herz 0.0032	0.0000	undef	0.0000
Hoden 0.0122	0.0000	undef	0.0000
Lunge 0.0037	0.0000	undef	0.0000
Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett 0.0223	0.0000	undef	0.0000
Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
Penis 0.0150	0.0000	undef	0.0000
Prostata 0.0071	0.0000	undef	0.0000
Uterus 0.0182	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie 0.0036			
Duenndarm 0.0000			
Prostata-Hyperplasie 0.0089			
Samenblase 0.0267			
Sinnesorgane 0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
FOETUS			
%Haeufigkeit			
Entwicklung 0.0000			
Gastrointestinal 0.0062			
Gehirn 0.0000			
Haematopoetisch 0.0000			
Herz-Blutgefuesse 0.0041			
Lunge 0.0037			
Niere 0.0124			
Prostata 0.0000			
Sinnesorgane 0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
%Haeufigkeit			
Brust 0.0272			
Eierstock-Uterus 0.0046			
Endokrines_Gewebe 0.0245			
Foetal 0.0047			
Gastrointestinal 0.0000			
Haematopoetisch 0.0000			
Haut-Muskel 0.0000			
Hoden 0.0000			
Lunge 0.0000			
Nerven 0.0050			
Prostata 0.0128			
Sinnesorgane 0.0000			

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkei	N/T	T/N
5					
	Blase	0.0093	0.0026	3.6370	0.2750
	Brust	0.0053	0.0065	0.8154	1.2263
	Eierstock	0.0000	0.0104	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0048	0.4071	2.4562
10	Gehirn	0.0017	0.0022	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0042	0.0378	0.1109	9.0183
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0112	0.0071	1.5801	0.6329
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4275	0.7005
	Niere	0.0059	0.0068	0.8683	1.1517
20	Pankreas	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0095	0.0043	2.2373	0.4470
	Uterus	0.0050	0.0071	0.6963	1.4363
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duennndarm	0.0031			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			

30

FOETUS

%Haeufigkeit

	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
35	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0039
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0062
40	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haeufigkeit

45		
	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
50	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
55	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0128
	Sinnesorgane	0.0387

60

65

NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
Blase 0.0093	0.0128	0.7274	1.3748
Brust 0.0080	0.0065	1.2232	0.8176
Eierstock 0.0091	0.0000	undef	0.0000
Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
Gastrointestinal 0.0039	0.0000	undef	0.0000
Gehirn 0.0042	0.0044	0.9676	1.0335
Haematopoetisch 0.0070	0.0000	undef	0.0000
Haut 0.0050	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000	undef
Herz 0.0032	0.0137	0.2312	4.3248
Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
Lunge 0.0037	0.0118	0.3160	3.1643
Magen-Speiserohre 0.0000	0.0153	0.0000	undef
Muskel-Skelett 0.0051	0.0000	undef	0.0000
Niere 0.0089	0.0000	undef	0.0000
Pankreas 0.0019	0.0055	0.3428	2.9168
Penis 0.0030	0.0000	undef	0.0000
Prostata 0.0119	0.0064	1.8644	0.5364
Uterus 0.0099	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie 0.0036			
Duenn darm 0.0000			
Prostata-Hyperplasie 0.0089			
Samenblase 0.0178			
Sinnesorgane 0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen 0.0044			

FOETUS	
%Haeufigkeit	
Entwicklung 0.0000	
Gastrointestinal 0.0062	
Gehirn 0.0000	
Haematopoetisch 0.0157	
Herz-Blutgefuesse 0.0082	
Lunge 0.0037	
Niere 0.0000	
Prostata 0.0000	
Sinnesorgane 0.0000	

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
%Haeufigkeit	
Brust 0.0068	
Eierstock-Uterus 0.0000	
Endokrines_Gewebe 0.0000	
Foetal 0.0047	
Gastrointestinal 0.0000	
Haematopoetisch 0.0000	
Haut-Muskel 0.0000	
Hoden 0.0000	
Lunge 0.0000	
Nerven 0.0000	
Prostata 0.0192	
Sinnesorgane 0.0155	

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000		0.0051	0.0000	undef
	Brust 0.0027		0.0065	0.4077	2.4527
	Eierstock 0.0030		0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0018		0.0054	0.3349	2.9861
	Gastrointestinal 0.0019		0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn 0.0017		0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch 0.0000		0.0000	undef	undef
	Haut 0.0199		0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0099		0.0000	undef	0.0000
	Herz 0.0042		0.0000	undef	0.0000
15	Hoden 0.0000		0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0062		0.0118	0.5267	1.8986
	Magen-Speiseroehre 0.0000		0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.0017		0.0000	undef	0.0000
	Niere 0.0089		0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas 0.0095		0.0000	undef	0.0000
	Penis 0.0000		0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0095		0.0021	4.4745	0.2235
	Uterus 0.0000		0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000				
	Duennndarm 0.0000				
25	Prostata-Hyperplasie 0.0030				
	Samenblase 0.0000				
	Sinnesorgane 0.0000				
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000				
30		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000				
	Gastrointestinal 0.0031				
35	Gehirn 0.0000				
	Haematopoetisch 0.0000				
	Herz-Blutgefuesse 0.0000				
	Lunge 0.0074				
	Niere 0.0000				
40	Prostata 0.0000				
	Sinnesorgane 0.0000				
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
45	Brust 0.0000				
	Eierstock-Uterus 0.0023				
	Endokrines_Gewebe 0.0000				
	Foetal 0.0029				
50	Gastrointestinal 0.0122				
	Haematopoetisch 0.0000				
	Haut-Muskel 0.0097				
	Hoden 0.0000				
	Lunge 0.0000				
	Nerven 0.0010				
55	Prostata 0.0192				
	Sinnesorgane 0.0000				
60					
65					

511

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0044	0.3058	3.2702
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5843	1.7114
	Endokrines_Gewebe	0.0146	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0008	0.0022	0.3871	2.5836
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0050	0.0024	2.1069	0.4746
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8565	1.1675
	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428	2.9168
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenndarm	0.0000			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			

30
FOETUS
%Haeufigkeit

	Entwicklung	0.0000
35	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
40	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

45
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Haeufigkeit

	Brust	0.0068
	Eierstock-Uterus	0.0320
	Endokrines_Gewebe	0.0000
50	Foetal	0.0023
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0097
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
55	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0155

60

65

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N	
					5
Blase	0.0093	0.0000	undef	0.0000	
Brust	0.0013	0.0087	0.1529	6.5404	
Eierstock	0.0030	0.0078	0.3895	2.5671	
Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0054	0.6698	1.4930	
Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143	1.2281	10
Gehirn	0.0025	0.0033	0.7741	1.2918	
Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0025	0.0047	0.5267	1.8986	
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855	3.5025	
Niere	0.0089	0.0068	1.3025	0.7678	20
Pankreas	0.0095	0.0055	1.7142	0.5834	
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0024	0.0000	undef	0.0000	
Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				25
Duenndarm	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0149				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0017				30
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				35
Gastrointestinal	0.0031				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0123				
Lunge	0.0000				40
Niere	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				45
Brust	0.0000				
Eierstock-Uterus	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				50
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				55
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0010				
Prostata	0.0192				
Sinnesorgane	0.0000				60
					65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0017	0.0011	1.5482	0.6459
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0012	0.0024	0.5267	1.8986
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0071	0.0021	3.3559	0.2980
	Uterus	0.0050	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			

FOETUS
%Haeufigkeit

35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
40	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Haeufigkeit

45	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0137
50	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
55	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0321
	Sinnesorgane	0.0000

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef	5
Brust	0.0027	0.0044	0.6116	1.6351	
Eierstock	0.0061	0.0052	1.1686	0.8557	
Endokrines_Gewebe	0.0109	0.0027	4.0187	0.2488	
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0068	0.0011	6.1928	0.1615	
Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef	
Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0122	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0012	0.0071	0.1756	5.6957	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855	3.5025	
Niere	0.0030	0.0068	0.4342	2.3033	
Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000	20
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0119	0.0000	undef	0.0000	
Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Duenn darm	0.0000				25
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0017				30

FOETUS
%Haeufigkeit

Entwicklung	0.0000	
Gastrointestinal	0.0062	35
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0039	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Niere	0.0000	40
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Haeufigkeit

Brust	0.0068	
Eierstock-Uterus	0.0183	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0122	50
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0032	
Hoden	0.0078	
Lunge	0.0000	55
Nerven	0.0030	
Prostata	0.0064	
Sinnesorgane	0.0000	

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0027	0.0022	1.2232	0.8176
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698	1.4930
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0025	0.0022	1.1612	0.8612
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0071	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duennndarm	0.0000			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			

30
FOETUS
%Haeufigkeit

	Entwicklung	0.0000
35	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0037
	Niere	0.0062
40	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

45
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Haeufigkeit

	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0046
	Endokrines_Gewebe	0.0000
50	Foetal	0.0029
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
55	Nerven	0.0030
	Prostata	0.0192
	Sinnesorgane	0.0077

60

65

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef	5
Brust	0.0040	0.0000	undef	0.000	
Eierstock	0.0030	0.0052	0.5843	1.7114	
Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0027	1.3396	0.7465	
Gastrointestinal	0.0058	0.0048	1.2214	0.8187	
Gehirn	0.0017	0.0022	0.7741	1.2918	10
Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef	
Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0183	0.0000	undef	0.0000	15
Lunge	0.0050	0.0024	2.1069	0.4746	
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2599	0.7937	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0059	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0019	0.0110	0.1714	5.8337	20
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0119	0.0043	2.7966	0.3576	
Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000				25
Duennndarm	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0026				

FOETUS
%Haeufigkeit

Entwicklung	0.0154				30
Gastrointestinal	0.0031				
Gehirn	0.0063				
Haematopoetisch	0.0000				
Herz-Blutgefasse	0.0041				
Lunge	0.0000				40
Niere	0.0000				
Prostata	0.0249				
Sinnesorgane	0.0000				

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Haeufigkeit

Brust	0.0000				45
Eierstock-Uterus	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0041				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				50
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0192				55
Sinnesorgane	0.0000				

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0093	0.0022	4.2576	0.2349
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0050	0.0065	0.7651	1.3069
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0059	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0066	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenn darm	0.0031			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

30
FOETUS
%Haeufigkeit

	Entwicklung	0.0154
35	Gastrointestinal	0.0031
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
40	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

45
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Haeufigkeit

	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0137
	Endokrines_Gewebe	0.0000
50	Foetal	0.0017
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0078
	Lunge	0.0000
55	Nerven	0.0141
	Prostata	0.0256
	Sinnesorgane	0.0077

60

65

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0019	0.0048	0.4071	2.4562	
Gehirn	0.0000	0.0022	0.0000	undef	10
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Lunge	0.0000	0.0024	0.0000	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000	20
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0095	0.0000	undef	0.0000	
Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0073				
Duennndarm	0.0000				25
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				

FOETUS
%Haeufigkeit

Entwicklung	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	35
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0037	
Niere	0.0000	
Prostata	0.0000	40
Sinnesorgane	0.0000	

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Haeufigkeit

Brust	0.0000	
Eierstock-Uterus	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0029	
Gastrointestinal	0.0122	50
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	55
Prostata	0.0064	
Sinnesorgane	0.0000	

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0027	0.0022	1.2232	0.8176
	Eierstock	0.0091	0.0078	1.1686	0.8557
	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0136	0.4019	2.4884
	Gastrointestinal	0.0019	0.0095	0.2036	4.9124
10	Gehirn	0.0076	0.0044	1.7417	0.5741
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0122	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0012	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0180	0.0952	10.5076
	Niere	0.0030	0.0068	0.4342	2.3033
20	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0017	0.0142	0.1160	8.6176
	Brust-Hyperplasie	0.0109			
	Duenn darm	0.0062			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
30	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0154			
35	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0062			
40	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0140			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0046			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0128			
50	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0468			
	Lunge	0.0082			
55	Nerven	0.0060			
	Prostata	0.0192			
	Sinnesorgane	0.0232			
60					
65					

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0046	0.0026	1.8185	0.5499	5
Brust	0.0013	0.0022	0.6116	1.6351	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0000	undef	0.0000	10
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0042	0.0077	0.5529	1.8085	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef	
Lunge	0.0025	0.0047	0.5267	1.8986	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	30
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0071	0.0021	3.3559	0.2980	
Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000	35
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Duenn darm	0.0062				
Prostata-Hyperplasie	0.0119				40
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0017				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	30
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0063	
Haematopoetisch	0.0039	35
Herz-Blutgefuesse	0.0041	
Lunge	0.0000	
Niere	0.0062	40
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	45
Eierstock-Uterus	0.0023	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0017	50
Gastrointestinal	0.0244	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	55
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0030	60
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0087	0.1529	6.5404
	Eierstock	0.0091	0.0052	1.7529	0.5705
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0163	0.2233	4.4791
	Gastrointestinal	0.0039	0.0095	0.4071	2.4562
	Gehirn	0.0170	0.0131	1.2902	0.7751
10	Haematopoetisch	0.0070	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0497	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
15	Lunge	0.0075	0.0095	0.7901	1.2657
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8565	1.1675
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
20	Penis	0.0120	0.0267	0.4492	2.2260
	Prostata	0.0071	0.0021	3.3559	0.2980
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenn darm	0.0000			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0267			
	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			

30		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0247
	Gehirn	0.0125
35	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0000
	Lunge	0.0074
	Niere	0.0062
	Prostata	0.0249
40	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
45	Eierstock-Uterus	0.0046
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0052
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
50	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0078
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0090
	Prostata	0.0064
55	Sinnesorgane	0.0000

60

65

5
10
15
20
25
30
35
40
45
50
55
60
65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0077	0.6062	1.6497
	Brust	0.0013	0.0153	0.0874	11.4458
	Eierstock	0.0091	0.0026	3.5059	0.2852
	Endokrines Gewebe	0.0036	0.0054	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0174	0.0048	3.6642	0.2729
10	Gehirn	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0249	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0248	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0032	0.0137	0.2312	4.3248
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge	0.0261	0.0095	2.7652	0.3616
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0297	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0095	0.0000	undef	0.0000
20	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0143	0.0064	2.2373	0.4470
	Uterus	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0145			
	Duenn darm	0.0031			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

30		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0031
	Gehirn	0.0000
35	Haematopoetisch	0.0039
	Herz-Blutgefuesse	0.0041
	Lunge	0.0074
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
40	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
45	Eierstock-Uterus	0.0046
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0029
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
50	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0246
	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0064
55	Sinnesorgane	0.0000

60

65

•

141.

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0604	0.0291	2.1491	0.4653
	Brust	0.0360	0.0327	1.1008	0.9084
	Eierstock	0.0578	0.0194	5.5509	0.1801
	Endokrines Gewebe	0.0018	0.0082	0.2233	4.4791
	Gastrointestinal	0.0194	0.0095	2.0357	0.4912
	Gehirn	0.0322	0.0372	0.8652	1.1558
10	Haematopoetisch	0.0224	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.2822	0.0259	10.9034	0.0917
	Herz	0.0159	0.0137	1.1561	0.8650
	Hoden	0.0366	0.0117	3.1341	0.3191
15	Lunge	0.0560	0.0331	1.6930	0.5907
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0307	0.6300	1.5874
	Muskel-Skelett	0.0531	0.0240	2.2127	0.4519
	Niere	0.0089	0.0342	0.2605	3.8388
	Pankreas	0.0151	0.0607	0.2493	4.0107
20	Penis	0.0359	0.1066	0.3369	2.9680
	Prostata	0.0191	0.0085	2.2373	0.4470
	Uterus	0.0479	0.0142	3.3652	0.2972
	Brust-Hyperplasie	0.0145			
	Duenndarm	0.0249			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0588			
	Weisse Blutkoerperchen	0.0017			

30		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0154
	Gehirn	0.0000
35	Haematopoetisch	0.0197
	Herz-Blutgefuesse	0.0082
	Lunge	0.0148
	Niere	0.0185
	Prostata	0.0000
40	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/ SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0612
45	Eierstock-Uterus	0.0137
	Endokrines Gewebe	0.0735
	Foetal	0.0367
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
50	Haut-Muskel	0.0194
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0246
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0000
55	Sinnesorgane	0.0697

60

65

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust 0.0040	0.0022	1.8347	0.5450
	Eierstock 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0036	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal 0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0034	0.0011	3.0964	0.3230
10	Haematopoetisch 0.0014	0.0378	0.0370	27.0549
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz 0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0061	0.0000	undef	0.0000
15	Lunge 0.0012	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0048	0.0021	2.2373	0.4470
	Uterus 0.0050	0.0071	0.6963	1.4363
	Brust-Hyperplasie 0.0036			
	Duennndarm 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0059			
25	Samenblase 0.0178			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0026			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
30	Entwicklung 0.0154
	Gastrointestinal 0.0123
	Gehirn 0.0063
35	Haematopoetisch 0.0039
	Herz-Blutgefuesse 0.0000
	Lunge 0.0037
	Niere 0.0062
	Prostata 0.0000
40	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
45	Brust 0.0000
	Eierstock-Uterus 0.0091
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0029
	Gastrointestinal 0.0122
50	Haematopoetisch 0.0057
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0090
55	Prostata 0.0064
	Sinnesorgane 0.0000

60

65

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0000	0.0022	0.0000	undef	
Eierstock	0.0061	0.0026	2.3372	0.4279	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0048	0.0000	undef	0.0000	
Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Duenn darm	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Haeufigkeit

Brust	0.0000	45
Eierstock-Uterus	0.0023	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0017	50
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0078	
Lunge	0.0082	55
Nerven	0.0010	
Prostata	0.0192	
Sinnesorgane	0.0000	
		60
		65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0160	0.0044	3.6695	0.2725
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1686	0.8557
	Endokrines_Gewebe	0.0109	0.0082	1.3396	0.7465
	Gastrointestinal	0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0042	0.0055	0.7741	1.2918
10	Haematopoetisch	0.0070	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge	0.0037	0.0024	1.5801	0.6329
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0059	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0057	0.0000	undef	0.0000
20	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0167	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0066	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0109			
	Duenn darm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
25	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
30	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0062
	Gehirn	0.0000
35	Haematopoetisch	0.0039
	Herz-Blutgefuesse	0.0041
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
40	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0136
	Eierstock-Uterus	0.0023
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0070
	Gastrointestinal	0.0000
50	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
55	Prostata	0.0256
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	N/T	Verhaeltnisse T/N	
						5
	Blase	0.0372	0.0230	1.6164	0.6186	
	Brust	0.0067	0.0000	undef	0.0000	10
	Eierstock	0.0122	0.0130	0.9349	1.0696	
	Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0300	0.4262	2.3462	
	Gastrointestinal	0.0271	0.0333	0.8143	1.2281	
	Gehirn	0.0059	0.0471	0.1260	7.9354	15
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000	
	Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000	
	Hepatisch	0.0050	0.0259	0.1913	5.2277	
	Herz	0.0201	0.0137	1.4644	0.6829	
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef	20
	Lunge	0.0274	0.0189	1.4485	0.6904	
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0000	undef	0.0000	
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0000	undef	0.0000	
	Niere	0.0089	0.0137	0.6512	1.5355	
	Pankreas	0.0076	0.0166	0.4571	2.1876	
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000	25
	Prostata	0.0333	0.0106	3.1322	0.3193	
	Uterus	0.0215	0.0000	undef	0.0000	
	Brust-Hyperplasie	0.0036				
	Duenndarm	0.0280				
	Prostata-Hyperplasie	0.0357				30
	Samenblase	0.0890				
	Sinnesorgane	0.0235				
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052				
						35
	FOETUS					
	%Haeufigkeit					
	Entwicklung	0.0000				40
	Gastrointestinal	0.0031				
	Gehirn	0.0000				
	Haematopoetisch	0.0039				45
	Herz-Blutgefuesse	0.0041				
	Lunge	0.0222				
	Niere	0.0309				
	Prostata	0.0249				50
	Sinnesorgane	0.0000				
						55
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit					
	Brust	0.0000				
	Eierstock-Uterus	0.0183				
	Endokrines_Gewebe	0.0000				60
	Foetal	0.0227				
	Gastrointestinal	0.0000				
	Haematopoetisch	0.0000				
	Haut-Muskel	0.0162				
	Hoden	0.0000				
	Lunge	0.0082				65
	Nerven	0.0050				
	Prostata	0.0256				
	Sinnesorgane	0.0000				

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal 0.0019	0.0048	0.4071	2.4562
	Gehirn 0.0008	0.0044	0.1935	5.1673
10	Haematopoetisch 0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0050	0.1693	0.0294	34.0525
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge 0.0012	0.0024	0.5267	1.8986
	Magen-Speiserohre 0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0019	0.0000	undef	0.0000
20	Penis 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0095	0.0021	4.4745	0.2235
	Uterus 0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Duenndarm 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0208			
25	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009			

30	FOETUS
	%Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0031
	Gehirn 0.0000
35	Haematopoetisch 0.0157
	Herz-Blutgefuesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Niere 0.0000
	Prostata 0.0000
40	Sinnesorgane 0.0000

40	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
	Brust 0.0000
	Eierstock-Uterus 0.0046
45	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
50	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0030
	Prostata 0.0064
55	Sinnesorgane 0.0000

60

65

(50)

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0093	0.0077	1.2123	0.8249
	Brust 0.0093	0.0283	0.3293	3.0366
	Eierstock 0.0182	0.0052	3.5059	0.2852
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal 0.0504	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0000	0.0033	0.0000	undef
10	Haematopoetisch 0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0495	0.0065	7.6515	0.1307
	Herz 0.0074	0.0137	0.5395	1.8535
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0120	0.0060	1.9985	0.5004
	Niere 0.0238	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0511	0.0276	1.8513	0.5402
20	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0333	0.0149	2.2373	0.4470
	Uterus 0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0109			
	Duennndarm 0.1028			
25	Prostata-Hyperplasie 0.0059			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0183			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
30	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0462
	Gehirn 0.0000
35	Haematopoetisch 0.0197
	Herz-Blutgefuesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Niere 0.0062
	Prostata 0.0249
40	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
45	Brust 0.0000
	Eierstock-Uterus 0.0160
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0122
	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0000
50	Haut-Muskel 0.0324
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0256
55	Sinnesorgane 0.0000

60

65

65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0091	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0025	0.0022	1.1612	0.8612
10	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
15	Lunge	0.0137	0.0024	5.7939	0.1726
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2599	0.7937
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0057	0.0055	1.0285	0.9723
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
20	Prostata	0.0095	0.0043	2.2373	0.4470
	Uterus	0.0066	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
25	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0139			

30	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
35	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0074
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0279

40	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0068
45	Eierstock-Uterus	0.0091
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0041
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0486
50	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0050
	Prostata	0.0064
55	Sinnesorgane	0.0000

60

65

65

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0465	0.0741	0.6271	1.5947
	Brust 0.0386	0.0501	0.7711	1.2968
	Eierstock 0.0334	0.0546	0.6121	1.6336
	Endokrines_Gewebe 0.0310	0.0300	1.0351	0.9661
	Gastrointestinal 0.0252	0.0190	1.3232	0.7558
10	Gehirn 0.0458	0.0701	0.6532	1.5310
	Haematopoetisch 0.0112	0.1135	0.0986	10.1456
	Haut 0.0448	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0347	0.0000	undef	0.0000
	Herz 0.1123	0.1375	0.8170	1.2240
	Hoden 0.0366	0.0468	0.7835	1.2763
15	Lunge 0.0535	0.0449	1.1920	0.8389
	Magen-Speiserohre 0.0193	0.0153	1.2599	0.7937
	Muskel-Skelett 0.0685	0.1860	0.3684	2.7145
	Niere 0.0119	0.0890	0.1336	7.4857
	Pankreas 0.0151	0.0828	0.1828	5.4691
20	Penis 0.1018	0.0533	1.9092	0.5238
	Prostata 0.0167	0.0064	2.6101	0.3831
	Uterus 0.0545	0.2634	0.2070	4.8311
	Brust-Hyperplasie 0.0981			
	Duenn darm 0.0312			
25	Prostata-Hyperplasie 0.0386			
	Samenblase 0.0178			
	Sinnesorgane 0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
30	Entwicklung 0.1383
	Gastrointestinal 0.0924
	Gehirn 0.0063
35	Haematopoetisch 0.0393
	Herz-Blutgefuesse 0.0654
	Lunge 0.0592
	Niere 0.0309
	Prostata 0.2992
40	Sinnesorgane 0.0279

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
45	Brust 0.0204
	Eierstock-Uterus 0.0068
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0099
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
50	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0171
	Prostata 0.0000
55	Sinnesorgane 0.0387

5

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0044	0.0000	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0027	2.0093	0.4977
	Gastrointestinal	0.0058	0.0048	1.2214	0.8187
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge	0.0000	0.0024	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Prostata	0.0071	0.0021	3.3559	0.2980
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
25	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
30	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
35	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0037
	Niere	0.0062
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0140

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0046
45	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
50	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0030
	Prostata	0.0128
	Sinnesorgane	0.0000

55

60

65

5
10
15
20
25
30
35
40
45
50
55
60
65

		NORMAL	TUMOR.	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0153	0.6062	1.6497
	Brust	0.0053	0.0065	0.8154	1.2263
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0054	1.0047	0.9954
	Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143	1.2281
	Gehirn	0.0042	0.0033	1.2902	0.7751
10	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0050	0.0129	0.3826	2.6139
	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0234	0.2612	3.8288
15	Lunge	0.0100	0.0095	1.0534	0.9493
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0089	0.0137	0.6512	1.5355
	Pankreas	0.0057	0.0000	undef	0.0000
20	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0021	2.2373	0.4470
	Uterus	0.0066	0.0071	0.9283	1.0772
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenn darm	0.0000			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			

30	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0031
	Gehirn	0.0000
35	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0062
	Prostata	0.0249
40	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
45	Eierstock-Uterus	0.0046
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0017
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
50	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0128
55	Sinnesorgane	0.0000

60

65

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	30
Entwicklung	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0125	
Haematopoetisch	0.0039	35
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0074	
Niere	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0279	

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0077	0.5062	1.6497
	Brust	0.0187	0.0065	2.8540	0.3504
	Eierstock	0.0030	0.0182	0.1669	5.9900
	Endokrines_Gewebe	0.0201	0.0082	2.4559	0.4072
	Gastrointestinal	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Gehirn	0.0034	0.0011	3.0964	0.3230
10	Haematopoetisch	0.0126	0.0378	0.3327	3.0061
	Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
15	Lunge	0.0137	0.0071	1.9313	0.5178
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0059	0.0068	0.8683	1.1517
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Prostata	0.0095	0.0021	4.4745	0.2235
	Uterus	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0109			
	Duenndarm	0.0125			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
25	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0096			

30	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0062
	Gehirn	0.0000
35	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0041
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0062
	Prostata	0.0000
40	Sinnesorgane	0.0140

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0136
45	Eierstock-Uterus	0.0228
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0052
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
50	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0030
	Prostata	0.0064
55	Sinnesorgane	0.0000

60

65

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0093	0.0026	3.6370	0.2750	5
Brust	0.0080	0.0022	3.6695	0.2725	
Eierstock	0.0061	0.0078	0.7791	1.2836	
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0109	0.1674	5.9721	
Gastrointestinal	0.0078	0.0143	0.5428	1.8422	10
Gehirn	0.0034	0.0033	1.0321	0.9689	
Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0895	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0032	0.0137	0.2312	4.3248	
Hoden	0.0183	0.0000	undef	0.0000	15
Lunge	0.0037	0.0142	0.2634	3.7971	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef	
Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000	20
Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0071	0.0021	3.3559	0.2980	
Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0182				
Duennndarm	0.0031				25
Prostata-Hyperplasie	0.0030				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0026				30
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0031				
Gehirn	0.0000				35
Haematopoetisch	0.0157				
Herz-Blutgefuesse	0.0082				
Lunge	0.0148				
Niere	0.0124				
Prostata	0.0000				40
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				45
Eierstock-Uterus	0.0160				
Endokrines_Gewebe	0.0245				
Foetal	0.0082				
Gastrointestinal	0.0122				
Haematopoetisch	0.0057				50
Haut-Muskel	0.0032				
Hoden	0.0156				
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0080				
Prostata	0.0128				55
Sinnesorgane	0.0000				

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0040	0.0022	1.8347	0.5450
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0054	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0068	0.0033	2.0643	0.4844
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0071	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duennndarm	0.0000			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			

30	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
35	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0037
	Niere	0.0000
40	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0046
	Endokrines_Gewebe	0.0000
50	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
55	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0026	1.8185	0.5499
	Brust	0.0133	0.0022	6.1158	0.1635
	Eierstock	0.0061	0.0052	1.1686	0.8557
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0245	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0078	0.0190	0.4071	2.4562
	Gehirn	0.0119	0.0022	5.4187	0.1845
10	Haematopoetisch	0.0070	0.0757	0.0924	10.8219
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0074	0.0275	0.2698	3.7070
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
15	Lunge	0.0050	0.0118	0.4214	2.3732
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0153	0.6300	1.5874
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0119	0.0205	0.5789	1.7275
	Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
20	Prostata	0.0191	0.0043	4.4745	0.2235
	Uterus	0.0066	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenndarm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
25	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0070			

30	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0031
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
35	Herz-Blutgefuesse	0.0082
	Lunge	0.0037
	Niere	0.0309
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0140

40		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0068
	Eierstock-Uterus	0.0183
45	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0140
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0194
50	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0161
	Prostata	0.0128
	Sinnesorgane	0.0155

55

60

65

5
10
15
20
25
30
35
40
45
50
55
60
65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0153	0.6062	1.6497
	Brust	0.0160	0.0174	0.9174	1.0901
	Eierstock	0.0091	0.0182	0.5008	1.9967
	Endokrines_Gewebe	0.0201	0.0109	1.8419	0.5429
	Gastrointestinal	0.0194	0.0333	0.5816	1.7193
10	Gehirn	0.0076	0.0219	0.3483	2.8707
	Haematopoetisch	0.0182	0.0378	0.4805	2.0811
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0099	0.0323	0.3061	3.2673
	Herz	0.0148	0.0275	0.5395	1.8535
15	Hoden	0.0122	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0174	0.0118	1.4748	0.6781
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0307	0.9449	1.0583
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0120	1.2848	0.7783
	Niere	0.0416	0.0068	6.0782	0.1645
20	Pankreas	0.0170	0.0110	1.5428	0.6482
	Penis	0.0120	0.0267	0.4492	2.2260
	Prostata	0.0191	0.0085	2.2373	0.4470
	Uterus	0.0149	0.0142	1.0444	0.9575
	Brust-Hyperplasie	0.0182			
	Duenn darm	0.0187			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0183			
30	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0307			
	Gastrointestinal	0.0062			
	Gehirn	0.0000			
35	Haematopoetisch	0.0393			
	Herz-Blutgefasse	0.0000			
	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0124			
	Prostata	0.0249			
40	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
%Haeufigkeit					
45	Brust	0.0476			
	Eierstock-Uterus	0.0571			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0175			
	Gastrointestinal	0.0244			
50	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0291			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0000			
55	Sinnesorgane	0.0310			

2.2 Fisher-Test

60 Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, FortWorth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine
65 Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST.
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. E., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).
3. Berechnung einer Konsens-Sequenz C aus den assemblierten Sequenzen.

Die Konsens-Sequenz C wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz s . Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für S abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, C in gleicher Weise wie S zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C_i (i : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H_0 Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while $C_i > C_{i-1}$; Abbruchkriterium II).

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Prostata-Tumor-Gewebe gefunden werden.

Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORI's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Chromosomen-Lokal.	EST Ausgangslänge	Länge der Angemeldeten Sequenz
1	im normalen Prostatagewebe und in Brust- und Blasen Tumoren erhöht	humanes MAT8		222	730
2	im normalen Prostatagewebe erhöht	mit humanem Zyxin im 3'-Bereich verwandt		202	1436
3	in gesundem Prostata- und Brustgewebe erhöht	Unbekannt		207	706
4	im normalen Prostatagewebe erhöht	Unbekannt	1, D1S468-D1S214	215	1263
5	im normalen Prostatagewebe erhöht	Humaner Transkriptionsfaktor SUPT4H. Das Hefe-Homolog ist für eine exakte Weitergabe der Chromosomen während der Zellteilung mit verantwortlich.	17	179	817
6	im normalen Prostatagewebe erhöht	Unbekannt		225	1329
7	im normalen Prostatagewebe erhöht	Unbekannt		231	761
8	im normalen Prostatagewebe erhöht	unbekannt	10, D10S551-D10S532	248	1227
9	im normalen Blasen- und Prostatagewebe erhöht	Prä-mRNA splicing-Faktor Protein-Kinasen Inhibitor	6	243	913
10	4x stärker als im normalen Prostatagewebe	humanes MVF-1		315	1126
11	im normalen Prostatagewebe erhöht	unbekannt		261	537
12	im normalen Prostatagewebe erhöht	Tax1 ist ein viraler Transaktivator. Das Tax1-bindende Protein verfügt sehr wahrscheinlich über eine Hemmfunktion für solche Transaktivatoren.		219	626
13	im normalen Prostatagewebe erhöht	Timp-3: Tissue inhibitor of metalloproteinases-3		210	386
14	ausschließlich in der normalen Prostata	E4BP4 besitzt eine von der Bindungsstelle abhängige Fähigkeit, Transkription zu unterdrücken.		217	847
15	ausschließlich in der normalen Prostata	vermutlich humaner Beta-1-adrenerger Rezeptor, humane Sequenz ist nicht publiziert		232	813

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Chromosomen-Lokal.	EST Ausgangslänge	Länge der angemeldeten Sequenz
16	stärker im normalen Brust- und Prostatagewebe als im entsprechenden Tumor	Signaltransduktion		210	573
17	verstärkt in der normalen Prostata, verglichen mit dem entsprechenden Tumorgewebe	unbekannt, geringe Homologie zu einem Transkriptionsfaktor von <i>Aspergillus nidulans</i> (quR)		244	486
18	ca. 6x stärker in der normalen Prostata, verglichen mit dem entsprechenden Tumorgewebe	unbekannt		215	662
19	ca. 2x stärker im normalen Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	unbekannt		225	750
20	ca. 2x stärker im normalen Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	unbekannt		214	756
21	ca. 3x stärker im normalen Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe, ca. 7x häufiger in Brust- und Lungentumoren als in entsprechenden Normalgeweben	Vermutlich humanes Homolog des <i>Drosophila</i> Janus-A Gens. Die Janus (JaK) Familie der Nichtrezeptor-Tyrosinkinasen spielt eine wichtige Rolle in der Signaltransduktion von Cytokinen		229	1001
22	stärker im normalen Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	unbekannt	2, D2S165-D2S146	234	896
23	stärker im normalen Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	unbekannt; möglicherweise humanes Gegenstück zu einem unbekannten Gen auf Hefe Chromosom IX		184	580
24	5x stärker im normalen Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe, stark exprimiert in Hauttumoren	vermutlich humanes Gegenstück eines unbekannten Gens auf Hefe Chromosom XVI		237	740
25	ca. 3x stärker im normalen Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	unbekannt	3p21.1	256	857

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Chromosomen-Lokal.	EST Ausgangslänge	Länge der angemeldeten Sequenz
26	stärker im normalen Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	unbekannt, möglicherweise neues Ca ²⁺ -bindendes Protein, da beide Treffer (Sorcin, ALG-2) solche Proteine darstellen.		219	975
27	stärker im normalen Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	unbekannt		259	854
28	ca. 3x stärker im normalen Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	möglicherweise entfernter Verwandter der Familie MARCKS-Proteine ("myristoylated alanine-rich C kinase substrate")	11, D11S4076-D11S913 (64-70cM)	288	802
29	stärker im normalen Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	unbekannt		224	807
30	ca. 4x stärker im normalen Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	unbekannt, möglicherweise humanes Gegenstück eines thaliana von Caenorhabditis elegans		276	777
31	stärker im normalen Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	unbekannt, humaner Klon hat Homologie zu einem hypothetischen Protein aus Cyanobakterien		238	501
32	stärker im normalen Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe, 10x erhöht in Muskel- und Skelettumoren	unbekannt, möglicherweise humanes Gegenstück einer Glykosyl Transferase unbestimmter Spezifität aus Arabidopsis thaliana	3p21.1	284	1104
33	in normalem Prostatagewebe erhöht	Ligand der Yes-Kinase		208	809
34	in normalem Prostatagewebe und in endokrinen und Mammatumoren erhöht	Homolog zu der humanen peptidyl-prolyl Isomerase (PIN1)		217	580
35	in normalem Prostatagewebe und in gastrointestinalen Tumoren erhöht	unbekannt		223	825
36	in normalem Prostatagewebe erhöht	unbekannt		293	798

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Chromosomen-Lokal.	EST Ausgangslänge	Länge der angemeldeten Sequenz
37	in normalem Prostatagewebe erhöht	5'-UTR des PGMRP-Gens		271	456
38	in normalem Prostatagewebe erhöht	humaner plasma protease (C1) inhibitor		262	1742
39	in Prostata Tumoren erhöht	homolog zu Monozyten chemotaktischer Faktor (Human)		287	802
40	ca. 2x stärker in normalem Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe, 27x(!) stärker in haematopoetischen Tumoren, verglichen mit Normalgeweben	vermutlich neue humane Lysophospholipase I (Serin-Hydrolase). Die Homologie zum Mausgen (61 % auf Aminosäure-Ebene) läßt vermuten, daß es sich um ein neues Mitglied der Gen-Familie handelt.		267	1183
41	stärker in normalem Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	unbekannt		270	768
42	stärker in normalem Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	unbekannt	17, (58-65 K cM)	279	1029
43	ca. 6x stärker in normalem Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	unbekannt		237	736
44	ca. 3x stärker in normalem Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe, ca. 8x häufiger im Gehirntumor als im vergleichbaren Normalgewebe	Id-1 ("inhibitor of DNA binding /differentiation") Helix-Loop-Helix Transkriptionsfaktor	20q11 (47-49 K cM)	305	1216
45	in normalem Prostatagewebe und in Hauttumoren erhöht	unbekannt		259	1158
46	in normalem Prostatagewebe erhöht	unbekannt	6	159	689
47	in normalem prostataischen, hepatischen und ovarial Gewebe erhöht	humane aminopeptidase N/CD13		239	1223
48	in normalem Prostata- und Pankreasgewebe erhöht	humanes DNA-bindendes Protein ABP/ZF		297	958

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Chromosomen-Lokal.	EST Ausgangslänge	Länge der angemeldeten Sequenz
49	in normalem Prostatagewebe erhöht	humaner cyclin-dependent kinase inhibitor I	6, D6S276-D6S439	232	572
50	in normalem Prostatagewebe erhöht	unbekannt		250	1185
51	in normalem Prostatagewebe und in haematopoe-tischen Tumoren erhöht	humanes SPARC/osteonectin. Für ein homoges Protein, Hevin, wurde eine verminderte Expression im metastatischen Prostatakarzinom nachgewiesen.		261	1027
52	in normalem Prostatagewebe und in Gehirntumoren erhöht	unbekannt		261	984
53	in normalem Prostatagewebe erhöht	unbekannt		246	621
54	in normalem Prostatagewebe und in Skelettumoren erhöht	humanes B4-2 Protein		239	1128
55	in normalem Prostatagewebe und hepatischen Tumoren erhöht	humanes TRAMP Protein, dieses Protein ist an der Translokation von neugebildeten Proteinen in das endoplasmatische Reticulum beteiligt.		267	1121
56	in normalem Prostatagewebe und in Uterustumoren erhöht	unbekannt		160	876
57	in normalem Prostatagewebe erhöht	unbekannt, möglicherweise kodiert die vorliegende DNA-Sequenz für ein homologes Protein aus der Familie der Methyl-CpG-bindenden Proteine		288	1328
58	ca. 3x stärker in normalem Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	humanes Gegenstück eines unbekannten Hefe-Proteins	11, D11S1311-D11S923 (97-102 cM9)	310	697
59	ca. 5x stärker in normalem Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	unbekannt		378	1389

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Chromosomen-Lokal.	EST Ausgangslänge	Länge der angemeldeten Sequenz
60	stärker in normalem Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	unbekannt, Basen 460-530 kodieren möglicherweise für ähnliche Exons, welche in verschiedenen Genen durch alternatives Spleißen reguliert sind.		260	535
61	in normalem Prostatagewebe und in endokrinen Tumoren erhöht	unbekannt	16p13	216	1097
62	in normalem Prostata- und Brustgewebe erhöht	unbekannt		302	1860
63	in normalem Prostata-, Blasen- und Brusttumoren erhöht	Humanes CAPL Protein		238	535

TABELLE II

DNA-Sequenz Seq. ID. No.	Peptid-Sequenz (ORF's) Seq. ID. No.
1	65
2	66
3	67
	68
	69
	70
4	71
5	72
6	73
7	74
8	75
	76
	77
	78
	79
	80
	81
9	82
10	83
11	84
	85
	86
	87
	88
	89
12	90
14	91
16	92
17	93
	94
	95
	96
18	97
	98
	99
	100
	101
19	102

DNA-Sequenz Seq. ID. No.	Peptid-Sequenz (ORF's) Seq. ID. No.
	103
	104
5	105
20	106
	107
21	108
	109
10	110
23	111
	112
	113
24	114
15	115
25	116
27	117
	118
	119
20	120
28	121
	122
	123
	124
25	125
29	126
	127
	128
30	129
	130
	131
31	132
32	133
33	134
35	135
	136
	137
34	138
35	139
40	140
	141
	142
	143
	144
45	145
	146
36	147
	148
	149
50	150
38	151
	152
39	153
40	154
41	155
55	156
	157
42	158
	159
60	160
	161
43	162
	163
	164
65	165
44	166
45	167
46	168

DNA-Sequenz Seq. ID. No.	Peptid-Sequenz (OKF 8) Seq. ID. No.	
	170	
	171	
	172	5
47	173	
48	174	
49	175	
	176	
	177	10
	178	
	179	
	180	
50	181	
	182	15
51	183	
	184	
	185	
	186	
	187	20
52	188	
	189	
	190	
	191	
	192	25
	193	
54	194	
55	195	
56	196	
	197	30
	198	
	199	
57	200	
58	201	
59	202	35
	203	
	204	
	205	
	206	
60	207	40
	208	
	209	
61	210	
	211	
	212	45
	213	
62	214	
	215	
	216	50

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 64 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 65 bis Seq. ID No. 216 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

55

60

65

(1) ALLGEMEINE INFORMATION:

(i) ANMELDER:

- (A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH
(B) STRASSE: Ihnestrasse 63
(C) STADT: Berlin
(E) LAND: Deutschland
(F) POST CODE (ZIP): D-14195
(G) TELEFON: (030)-8413 1672
(H) TELEFAX: (030)-8413 1671

(ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus Prostatagewebe

(iii) Anzahl der Sequenzen: 216

(iv) COMPUTER READABLE FORM:

- (A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
(B) COMPUTER: IBM PC compatible
(C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
(D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 730 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: EST

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 1:

CTGCTGATCC	TGAAATTGTA	CCAGCGGCAA	GATGTGGCCT	GGAAGGGGAC	TTTAAGTTCT	60
CCACAACCTGC	CAGCAATCCT	TCCACCAGGC	AAAACACATC	ATCTAAGGAA	AAGAAGTGAG	120
GTTTGCTTAG	GGCGTGGCAG	CTTCGGATAA	ACGCAGGACT	CCGCCTGGCA	GCCCGATTTTC	180
TCCCGGAACC	TCCTGCTCAG	CCTGGTGAAC	CACACAGGCC	AGCGCTCTGA	CATGCAGAAG	240
GTGACCTTGG	GCCTGCTTGT	GTTCTCTGGCA	GGCTTTCC TG	TCCTGGACGC	CAATGACCTA	300
GAAGATAAAA	ACAGTCCTTT	CTACTATGAC	TGGCACAGCC	TCCAGGTTGG	CGGGCTCATC	360
TGCGCTGGGG	TTCTGTGCGC	CATGGGCATC	ATCATCGTCA	TGAGTGCAAA	ATGCAAATGC	420
AAGTTTGGCC	AGAAGTCCGG	TCACCATCCA	GGGGAGACTC	CACCTCTCAT	CACCCCAGGC	480
TCAGCCCCAA	GCTGATGAGG	ACAGACCAGC	TGAAAT TGGG	TGGAGGACCG	TTCTCTGTCC	540
CCAGGTCCTG	TCTCTGCACA	GAAACTTGAA	CTCCAGGATG	GAATTCTTCC	TCCTCTGTCTG	600
GGACTCCTTT	GCATGGCAGG	GCCTCATCTC	ACCTCTCGCA	AGAGGGTCTC	TTTGTTCAT	660
TTTTTTTAAAT	CTAAATGAT	TGTGCCTCTG	CCCAAGCGGA	AAAGAGGAAA	AGAAGGAAGG	720
AAAAGGGGG						729

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1436 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: EST

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 2:

CTCCTTGGA	GTCCCCTTCC	AGCTCCCAGC	CTCTGCCCCA	GGTTCCGGCT	CCGGCTCAGA	60
GCCAGACACA	GTTCCATGTT	CAGCCCCAGC	CCCAGCCCCA	GCCTCAGGTC	CAACTCCATG	120
TCCAGTCCCA	GACCCAGCCT	GTGTCTTTGG	CTAACACCCA	GCCCCGAGGG	CCCCCAGCCT	180
CATCTCCGGC	TCCAGCCCCT	AAGTTTTTCTC	CAGTGACTCC	TAAGTTTACT	CCTGTGGCTT	240
CCAAGTTTCA	TCCTGGAGCC	CCAGGTGGAT	CTGGGTCACA	ACCAAATCAA	AAATTGGGGC	300
ACCCCGAAGC	TCTTTCTGCT	GGCACAGGCT	CCCCTCAACC	TCCCAGCTTC	ACCTATGCCC	360
AGCAGAGGGA	GAAGCCCCGA	GTGCAGGAGA	AGCAGCACCC	CGTGCCCCCA	CCGGCTCAGA	420
ACCAAAACCA	GGTGCCTTCC	CCTGGGGGCC	CAGGGCCCCCT	GACTCTGAAG	GAGGTGGAGG	480
AGCTGGAGCA	GCTGACCCAG	CAGCTAATGC	AGGACATGGA	GCATCCTCAG	AGGCAGAATG	540
TGGCTGTCAA	CGAACTCTGC	GGCCGATGCC	ATCAACCCCT	GGCCCCGGCG	CAGCAGCCGT	600
CCGCGCTCTA	GGGCAGCTGT	TCCACATCGC	CTGCTTCACC	TGCCACCAGT	GTGCGCAGAG	660
CTCCAGGGCC	AGCAGTTCTA	CAGTCTGGAG	GGGGCGCCGT	ACTGCGAGGG	CTGTTACACT	720
GACACCCTGG	AGAAGTGTA	CACCTGCGGG	GAGCCCATCA	CTGACCGCAT	GCTGAGGGCC	780
ACGGGCAAGG	CCTATCACCC	GCACTGCTTC	ACCTGTGTGG	TCTGCGCCCG	CCCCCTGGAG	840
GGCACTTCCT	TCATCGTGGA	CCAGGCCAAC	CGGCCCCACT	GTGTCCCCGA	CTACCACAAG	900
CAGTACGCCC	CGAGGTGCTC	CGTCTGCTCT	GAGCCCATCA	TGCCTGAGCC	TGGCCGAGAT	960
GAGACTGTGC	GAGTGGTCGC	CCTGGACAAG	AACTTCCACA	TGAAGTGTTA	CAAGTGTGAG	1020
GACTGCGGGA	AGCCCCGTGC	GATTGAGGCA	GATGACAATG	GCTGCTTCCC	CCTGGACGGT	1080
CACGTGCTCT	GTCGGAAGTG	CCACACTGCT	AGAGCCCCAGA	CCTGAGTGAG	GACAGGCCCT	1140
CTTCAGACCG	CAGTCCATGC	CCCATTGTGA	GCCACCCACA	CTGAGACCAC	CTGCCCCCAC	1200

CTCAGTTATT GTTTTGATGT CTAGCCCCTC CCATTTCCTA CCCCTCCCTA GCATCCCAGG 1260
 TGCCCTGACC CAGGACCCAA CATGGTCTAG GGATGCAGGA TCCCCGCCCT GGGGTCTGGT 1320
 CCTCGCCCAT CCTGCAGGGA TTGCCCACCG TCTTCCAGAC ACCCCACCTG AGGGGGGCAC 1380
 5 AAGGTTTAGT GCTGCTGCTT TCACTGCTGC ACCCGCGCCC TCGGCCGGCC CCCCCA 1436

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 706 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: EST

20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3:

35 TGCGGCCCGG GCCTTAAAGC GTCCATTTC CAGCGGCCCT CCGCTGCGAG ACCGCAGCCC 60
 TTCTCTGGAG TCTCAGAGCC GCAAGACACC ACGACTCCCA GAGGACCTTG CGTCGGGCAA 120
 GAAAGACTAC ACCTTCCAGA GGCCTCTGCG GCGCCGCGAC AGGAAGCGGC GGGCGAGCCG 180
 AGTGTCTTTG CGCGTGGATC CGAGCGACCA TGGTGGCCCC GGTGTGGTCG CTGATGAGGT 240
 40 TCCTCATCAA GGGAAGTGTG GCTGGGGGCG CCGTCTACCT GGTGTACGAC CAGGAGCTGC 300
 TGGGGCCCAG CGACAAGAGC CAGGCAGCCC TACAGAAGGC TGGGGAGGTG GTCCCCCCCC 360
 CCATGTACCA GTTCAGCCAG TACGTGTGTC AGCAGACAGG CCTGCAGATA CCCCAGCTCC 420
 CAGCCCCTCC AAAGATTTAC TTTCCCATCC GTGACTCCTG GAATGCAGGC ATCATGACGG 480
 TGATGTCAGC TCTGTCGGTG GCCCCCTCCA AGGCCCGCGA GTACTCCAAG GAGGGCTGGG 540
 45 AGTATGTGAA GGCGCGCACC AAGTAGCGAG TCAGCAGGGC CGCCTGCCCC GGCCAGAACG 600
 GGCAGGGCTG CCACTGACCT GAAGACTCCG GACTGGGACC CCACTCCGAG GGCAGGCCTC 660
 CCGATTGCCG GCCCAATAAA GGACTTCAGA AGTGAAAAAA AAAAAA 706

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1263 Basenpaare

55 (B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

60 (ii) MOLEKÜLTYP: EST

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

65 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4:

CACTGGGATG GGCATACACT ACTCACAGGG TGTGTGAGAT GAGAAGAACA CGTCAAGTT 59
 TTTATACTCA GATGTGGGAG CGACATCAAT GAAATCTGTA CTGTATGAAA GCTACACAAA 119
 AATGGGCAGA CATTGTTTGA ATTGTGCCAG ATACCTAAAA TGTATGTTCA GAAAAGCATT 179
 TTATCAACTC AGAAATATGA CTTATTTCTA GATTTTCATGG CTTAATGAAT TTTTTCATTG 239
 TTATATATAC CAAAGAGGCT TACGGGTTCA TTGATTGGTT TGAAAACCAG ACAGACGGCC 299
 GTGAGCCACC ACGCCAGGCC AAGATGAACT CCTTAAGGAC AGGATTTGGT AAGTGATTGA 359
 CTTCTTTTTTA GTTCCATGAT CTTGAGATTA TTTTGTAGCTT TATAAATTTA GCAGTGGCAG 419
 GGCCCGTGGA GAATCAGGTT AATGAGGTAA AGGCTTTCTG GGTATTTGCT GCCAAGGCCA 479
 CATCACCAAT TTTCTCGATT TAAAAAAGT TCAAGAGATT TATTTTTCCTA TTGCAGGTTT 539
 TAAAGTGGAG ATTCTGAAGT GGAAATAGG TACTGTCAGA ACAAAGCTAC CTGGAAACAG 599
 CATAGAGTGA AGCCTTTCGT GAGGGCTTGC AGGCCGCTGC TGAGTGGCAG TTTACAGAAG 659
 AGGTGCGGGG GTGAGCCTCT TAGCAGGACA GAAACAAGG CAGCAGCGCA CCTGCCACCC 719
 CTTACAGAGC TGCTCCTTGA GCCTAAAAAG TAGGCTTTAT TCATCCCTTC TGTTCATTTA 779
 CCAACCTGGG GGATTGATAC GACCGGGGAA AATGTTTCTA AACCAGGAAG CTGCGTTAGC 839
 GAATCAGCTT TGGTAAGATC TCGCCAACAG CTAGCTGCTT AGGAGTACCC CCACGATACG 899
 CACAGCACAC CACTGTCCCT TCACTGCACT TTCTTCCTGC CTTAGGTAGT TGGGCTTGCC 959
 ACCCTAGTTT GCTTTTGTAG TGGTTTGGCA AGGTTAGAAG GCCTCGGCCC CCTCTGTCAT 1019
 GCTGGGAAGT GCCTACTCTC TGGGCCACTG CTGCAGAGGC CGTGGCACTT GTCATGGGTT 1079
 TGGAAGACCC AGCCATCTGC AGCAGAGGCA GCCTATCCCA TTGCAAGGAG AGGAACTGAA 1139
 CGGAGTAATT ATTCTACTCT TCTTTTTTACA TAAATGGTTT AATTTAAATA ATTCAAAATT 1199
 TGGAATTTCC TTTCACAGAT ACTGATAATC CTTTCCAGTT CTTAAATAAA AACTGCACTT 1259
 GGAT 1263

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 817 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: EST

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5:

CTGCGACGCG CTCCGGCCCA GGTGGCGGCC GGCCGCCAG CCTCCCCGCC TGCTGGCGGG 60
 AGAAACCATC TCCTCTGGCG GGGGTAGGGG CGGATGGCGT CCGACCACAC CGGAAGAGG 119
 AAGTCTAAGC GCCGGAAGTG GTGGGCATTC TGGGTAACGA GCTATTTACT TCCTGCGGGT 179
 GCACAGGCTG TGGTCGTCTA TCTCCCTGTT GTTCTTCCCA TCGGCGAAGA TGGCCCTGGA 239
 GACGCTGCCG AAGGACCTGC GGCATCTGCG GGCCTGTTTG CTGTGTTTCG TGGTCAAGAC 299

TATAGACCAG TTTGAATATG ATGGTTGTGA CAATTGTGAT GCATATCTAC AAATGAAGGG 359
 TAACCGAGAG ATGGTATATG ACTGCACTAG CTCTTCCTTT GATGGAATCA TTGCGATGAT 419
 GAGTCCAGAG GACAGCTGGG TCTCCAAGTG GCAGCGAGTC AGTAACTTTA AGCCAGGTGT 479
 5 ATATGCGGTG TCAGTCACTG GTCGCCTGCC CCAAGGAATC GTGCGGGAGC TGAAAAGTCG 539
 AGGAGTGGCC TACAAATCCA GAGACACAGC TATAAAGACC TAGCAAGATG CAAGGCTGCC 599
 AGCATCTTTG CTCTCCACCT CCTGCCTCTG CTTATTTCTT GTTCTGGAAC TAAATGAACA 659
 GAACTTCAAA TACTTCCTAC CCTCCAATTC AGACTCAGCG CGACTGTTGA GAGAGCAGCA 719
 CATCATTTTA TCATTTTATC TTCTTTGGAC TACAGGTGGG TGGGAGGGAT TTGGGTTGG 778
 10 TGGATTAACA GATGGAATTG AGGAGAGAGT AGGATGCTG 817

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1329 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: EST

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6:

CTTGGAGAGG CTGGTGGACA TAAAGAAAGG GAATACTCTG CTATTGCAGC ATCTGAAGAG 60
 GATCATCTCC GACCTGTGTA AACTCTATAA CCTCCCTCAG CATCCAGATG TGGAGATGCT 120
 GGATCAACCC TTGCCAGCAG AGCAGTGCAC ACAGGAAGAC GTGTCTTCAG AAGATGAAGA 180
 TGAGGAGATG CCTGAGGACA CAGAAGACTT AGATCACTAT GAAATGAAAG AGGAAGAGCC 240
 45 AGCTGAGGGC AAGAAATCTG AAGATGATGG CATTGGAAAA GAAACTTGG CCATCCTAGA 300
 GAAAATTAAA AAGAACCAGA GGCAAGATTA CTTAAATGGT GCAGTGTCTG GCTCGGTGCA 360
 GGCCACTGAC CGGCTGATGA AGGAGCTCAG GGATATATAC CGATCACAGA GTTTCAAAGG 420
 CGGAAACTAT GCAGTCGAAC TCGTGAATGA CAGTCTGTAT GATTGGAATG TCAAACCTCT 480
 CAAAGTTGAC CAGGACAGCG CTTTGCACAA CGATCTCCAG ATCCTCAAAG AGAAAGAAGG 540
 50 AGCCGACTTC ATTCTACTTA ACTTTTCCTT TAAAGATAAC TTTCCCTTTG ACCCACCATT 600
 TGTCAGGGTT GTGTCTCCAG TCCTCTCTGG AGGGTATGTT CTGGGCGGAG GGGCCATCTG 660
 CATGGAACCT CTCACCAAC AGGGCTGGAG CAGTGCCTAC TCCATAGAGT CAGTGATCAT 720
 GCAGATCAGT GCCACACTGG TGAAGGGGAA AGCACGAGTG CAGTTTGGAG CCAACAAATC 780
 TCAATACAGT CTGACAAGAG CACAGCAGTC CTACAAGTCC TTGGTGCAGA TCCACGAAAA 840
 55 AAACGGCTGG TACACACCCC CAAAAGAAGA CGGCTAACCC TGGAGTATCA CCCTTCCTCC 900
 CTCCCCAGGC ACCACTGGAC CAATTACCTT TGAATGCTGT ATTTGGATCT CACGCTGCCT 960
 CTGTGGTTCC CTCCCTCATT TTTCTGGAC GTGATAGCTC TGCCTATTGC AGGACAATGA 1020
 TGGCTATTCT AAACGCTAAG GAAAAAAGC AAACACAGAA CTGTTTCAAG TACTCAAGAC 1080
 TGAATTACAG ACCAACCAAC CACCTTGCTG GAACCCTTGC TAGCAGGCAT TCTTATAAAA 1140
 60 GAAACTTTTC AGCCTCCTTA TATTGCTGGA AACTCAGCTG TGCTCCAGAC TAGAGCCTCC 1200
 TTACCTATGC TATGGATTTT TAATTTATTT TCTCTTATTT CATGTACACT GCTTTTTTTG 1260
 GTTACAGTGT ATGATGGATG TGTATGAAAA AAATGTATCT TTGGGAAAAA AATTACAGTT 1320
 TGTTAATTT 1329

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 761 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: EST

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7:

GCGGTCGGTA GTGCGGCGCT GTTTAAAGAT GGCGCGCGAG GAACCTCAGC AGCAGAAGCA 60
 GGAGCCGCTG GGCAGCGACT CCGAAGGTGT TAACGTCTG GCCATATGATG AAGCCATCAT 120
 GGCTCAGCAG GACCGAATTC AGCAAGAGAT TGCTGTGCAG AACCTCTGG TGTCAGAGCG 180
 GCTGGAGCTC TCGGTCCTAT ACAAGGAGTA TGCTGAAGAT GACAACATCT ATCAACAGAA 240
 GATCAAGGAC CTCACAAAAA AGTACTCGTA CATCCGCAAG ACCAGGCCTG ACGGCAACTG 300
 TTTCTATCGG GCTTTCGGAT TCTCCCACTT GGAGGCACTG CTGGATGACA GCAAGGAGTT 360
 GCAGCGGTTT AAGGCTGTGT CTGCCAAGAG CAAGGAAGAC CTGGTGTCCC AGGGCTTCAC 420
 TGAATTCACA ATTGAGGATT TCCACAACAC GTTCATGGAC CTGATTGAGC AGCTCGAGAA 480
 GCAGACCTCT GTCGCCGACC TGCTGGCCTC CTTCAATGAC CAGAGCACCT CCGACTACCT 540
 TGTGGTCTAC CTGCGGCTGC TCACCTCGGG CTACCTGCAG CGCGAGAGCA AGTTCTTCGA 600
 GCACTTCATC GAGGGTGGAC GGAATGTCAA GGAGTTCTGC CAGCAGGAGG TGGAGCCCAT 660
 CTCGAAGGAG AGCGACCACA TCCACATCAT TGCGCTGGCC CAGGCCCTCA GCCTGTCCAT 720
 CCAGGTGGAG TACATGGACC GCGGCGAGGG CGGCACCACCA

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1227 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: EST

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8:

```

5  GAAAAGTTTC TGAACATGGG TGCACCCCTG GGAGTGGGCC TGGGTCTCGT CTTTGTGTCC 60
   TCCATTGGGA TCTATGTTTC TTCCACCTAC CCACCCGTGG CTGGGGCCAC TCTTTACTCA 120
   GTGGCAATGT ACGGTGGATT AGTTCTTTTC AGCATGTTCC TTCTGTATGA TACCCAGAAA 180
   GTAATCAAGC GTGCAGAAGT ATCACCAATG TATGGAGTTC AAAAATATGA TCCCATTAAC 240
   TCGATGCTGA GTATCTACAT GGATACATTA AATATATTTA TGCGAGTTGC AACTATGCTG 300
   GCAACTGGAG GCAACAGAAA GAAATGAAGT GACTCAGCTT CTGGCTTCTC TGCTACATCA 360
10 AATATCTTGT TTAATGGGGC AGATATGCAT TAAATAGTTT GTACAAGCAG CTTTCGTTGA 420
   AGTTTAGAAG ATAAGAAACA TGTCATCATA TTTAAATGTT CCGGTAATGT GATGCCTCAG 480
   GTCTGCCTTT TTTTCTGGAG AATAAATGCA GTAATCCTCT CCCAAATAAG CACACACATT 540
   TTCAATTCTC ATGTTTGAGT GATTTTAAAA TGTTTGGTG AATGTGAAAA CTAAAGTTTG 600
   TGTCATGAGA ATGTAAGTCT TTTTCTACT TTAAAATTTA GTAGGTTTAC TGAGTAACTA 660
15 AAATTTAGCA AACCTGTGTT TGCATATTTT TTTGGAGTGC AGAATATTGT AATTAATGTC 720
   ATAAGTGATT TGGAGCTTTG GTAAAGGGAC CAGAGAGAAG GAGTCACCTG CAGTCTTTTG 780
   TTTTTTTAAA TACTTAGAAC TTAGCACTTG TGTTATTGAT TAGTGAGGAG CCAGTAAGAA 840
   ACATCTGGGT ATTTGGAAAC AAGTGGTCAT TGTTACATTC ATCTGCTGAA CTTAACAAAA 900
   CTGTTTCATCC TGAAACAGGC ACAGGTGATG CATTCCTCTG CTGTTGCTTC TCAGTGCTCT 960
20 CTTTCCAATA TAGATGTGGT CATGTTTGAC TTGTACAGAA TGTTAATCAT ACAGAGAATC 1020
   CTTGATGGAA TTATATATGT GTGTTTACT TTTGAATGTT ACAAAGGAA ATAACTTTAA 1080
   AACTATTCTC AAGAGAAAAT ATTCAAAGCA TGAAATATGT TGCTTTTTCC AGAATACAAA 1140
   CAGTATACTC ATGAAAAAAA AATGTTTTTT TATTTTGTCA TATTTATTGA ACTGTCTAAT 1200
25 TGAATACAGC TTGCTCTTGT CACCTCA
   1227

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

- 30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 913 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - 35 (C) STrang: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: EST
- 40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 45 (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- 50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9:

```

55 GGCGGTGGTC CGCCATTTCG TGGACGCCGG GTGAGTGAGA GAGTTGGTTG GTGTTGGGC 59
   CGGAGGAAAG CGGGAAGACT CATCGGAGCG TGTGGATTG AGCCGCCGCA TTTTTTAACC 119
60 CTAGATCTCG AAATGCATCG TGATTCTGT CCATTGGACT GTAAGGTTTA TGTAGGCAAT 179
   CTTGGAAACA ATGGCAACAA GACGGAATTG GAACGGGCTT TTGGCTACTA TGGACCACTC 239
   CGAAGTGTGT GGGTTGCTAG AAACCCACCC GGCTTTGCTT TTGTTGAATT TGAAGATCCC 299
   CGAGATGCAG CTGATGCAGT CCGAGAGCTA GATGGAAGAA CACTATGTGG CTGCCGTGTA 359
   AGAGTGGAAC TGTCGAATGG TGAAAAAGA AGTAGAAATC GTGGCCACC TCCCTCTTGG 419
65 GGTCGTCGCC CTCGAGATGA TTATCGTAGG AGGAGTCCTC CACCTCGTCG CAGATCTCCA 479
   AGAAGGAGAA GCTTCTCTCG CAGCCGGAGC AGGTCCCTTT CTAGAGATAG GAGAAGAGAG 539
   AGATCGCTGT CTCGGGAGAG AAATCACAAG CCGTCCCGAT CCTTCTCTAG GTCTCGTAGT 599
   CGATCTAGGT CAAATGAAAG GAAATAGAAG ACAGTTTGCA AGAGAAGTGG TGTACAGGAA 659

```

ATTACTTCAT TTGACAGGAG TATGTACAGA AAATTCAAGT TTTGTTTGAG ACTTCATAAG 719
 CTTGGTGCAT TTTTAAGATG TTTTAGCTGT TCAAATCTGT TTGTCTCTTG AAACAGTGAC 779
 ACAAAGGTGT AATTCTCTAT GGTGTGAAAT GGATCATACG AGGCATGTAA TACCAAGAAT 839
 TGTTACTTTA CAATGTTCCC TTAAGCCAAA ATTGAATTTG CTTTGAACCTT TTAGTTATGC 899
 ACAGACTGAT AATA 913

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1126 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: EST

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10:

gaggcagccc tgacactatg ccacctgctg agctcctggg tgtcactaga gaggcctcaca 60
 ctctcctaca atggcctggg ctctaacatc ttccgcctgc tagacagcct gcgggcccctg 120
 tcaggccagg ctggatgtcg cctccgtgcc ctgcatctca gtgacctgtt ctcaccactg 180
 cccatcctgg agctgacacg tgcctatcgtg cgagcactgc cctgctacg ggtcctctct 240
 attcgtgttg accacccaag ccagcgggac aacctgtgtg tgccaggga tgcaggggccc 300
 cctagccaca taataggcga tgaggagata ccagaaaact gcctggagca gttggagatg 360
 ggnatttcca cggggagccc agccagcccc actgctgtgc cacctttgcc tctccccagg attttgggct 420
 ttctctgcag cagctgtccc tggatagtgc cacttttgcc agcctgaaa agactgagct tccatgacat 480
 tgttttgcaa acactcaaag agtacaacct agcctgaaa agactgagct tccatgacat 540
 gaatctcgtc gactgtcaga gcgaggtgct ctttttgcta cagaatctga ctctgcaaga 600
 gattaccttc tccctctgcc gtctgtttga gaagcgccca gcccaatttc tgccctgagat 660
 ggttgctgct atgaaggcca actccacact gaagggcctc cggctgccag ggaacogcct 720
 ggggaatgct ggcctgctgg ccttggcaga tgttttctca gaggattcat cctcctctct 780
 ctgtcagctg gacatcagtt ccaactgcat caagccagat gggcttcttg agttcgccaa 840
 gcggctggag cgctggggcc gtggagcctt tggtcacctg cgctcttcc aaaactggct 900
 ggaccaggat gcagtcacag ccagggaagc catccggcgg ctccgggcta cctgccatgt 960
 ggtagcgac tcatgggact catcccaggc ctccgcagat tatgttagca ccatgtgatg 1020
 gggcccgta ctcacagtct catgctcggt accatcagct tgcaggggct gaagcatggg 1080
 ctgcccagaa cccaaccac cagttctatc tttctcttct tgtgac 1126

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 537 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: EST

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11:

```

TAGACCACTG AGGAGACCAT AGAGCGGATG CTTTCATGCA CCCTTTACTG CACTTTCTGA 60
CCAGGAGCTA CTTTGAGTTT GGTGTTACTA GGATCAGGGT CAGTCTTTGG CTTATCAATA 120
AATTTTAATC TCTGTAAATC TTACCTGCTT TAAAAAAAAG TTCTTGTGTG TTCGTATCTT 180
TATTTATTCCT CTAGTTTGCA GAACGTGCTG AATAAAGGAT ACAAGGATTA TTTCAATGTT 240
ACTGCACTGA AAAACGTGTA TGTATTAGTG TGCTAGATTA TTTAGCAGAA TATTCACAAG 300
TTTCTGTTGA CCTTGTTGAT TGAGCATGAC TACTAAATAT TATGTAATAA AAAGCATTTC 360
TCATAACAGT CTTATCAAGT AGTTCTTCGA ATATAGAAAG TTCTATAATT TAGCCCATGA 420
AATGATAGGT TTTTAATTTT CAGAAATGGA GCTGCATGTA GAATGAGATC ACATGCTTTT 480
ATATGTGAAA TATTGGTTTT AGCAATTAAC AGAAGGCATA CTTTGCTAAT TTTATGGN 538

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 626 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: EST

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12:

```

ggaagatgga gcagatggtg ctttttaccg agatgaaata caaaggccac ctgtcagagt 60
cccctcttgg ggactggaag acaatgttgt ctgcagccag cctgctcgaa accttagtcg 120
gcctgatggc ttagaggact ctgaggatag caaagaagat gagaatgtgc ctactgtctc 180
tgatcctcca agtcaacatt tacgtgggca tgggacaggc ttttgctttg attccagctt 240
tgatgttcac aagaagtgtc ccctctgtga gttaatgttt cctcctaact atgatcagag 300
caaatttgaa gaacatgttg aaagtcactg gaaggtgtgc ccgatgtgca gcgagcagtt 360
ccctcctgac tatgaccagc aggtgtttga aaggcatgtg cagacccatt ttgatcagaa 420
tgttctaaat tttgactagt tactttttat tatgagttaa tatagttagg cagtaaaata 480
gaccactgag gagaccatag agcggatgct ttcatgcacc ctttactgca ctttctgacc 540

```

aggagctact ttgagtttgg tgttactagg atcaggggtca gtotttgggt tatcaataaa 600
 ttttaatctc tgtaatctt acctgc 626

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 386 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: EST

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13:

AGGGAGTGCG AATGGCCAGG ATGCCTCACA GAGAAGACAC TGATGTCCCA CTTGTGGGAG 60
 GGAACCTGTG TAGGTTGGTC AGGGGCCCCA CCATGCGAGA CCTTGAGGTT AAAATAAGGA 120
 CAATCCCAAA ACATCAAGTC TGGGCTCATC CCTTCAAAAC CAGTGACATG CTGGCATCAG 180
 CTTCTGCTCA CACTGCCTCA CAAAGAAGGC CAAGCCTCCC ATTCTCCCC TGCCAAATGG 240
 CATGACCACA ATGGGAAAGG TACACGGTAA TGAAATTGAT CCCAAGGAAA CCCGATGCCG 300
 GTACTCTCTT CCCACTCTGC GGTTCCTGCCA AGCACCTTGC CTGGGCACTT GTGTGTGTGC 360
 AAGACTCTAC AGTGTGTTGT CTGCTG 386

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 847 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: EST

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14:

```

5  agacaaatct tctgcatgtc ggaggaacgg gaattattct gatgaaaaga aagatgctat 60
   gtattgggaa aaaaggcgga aaaataatga agctgccaaa agatctcgtg agaagcgtcg 120
   actgaatgac ctggttttag agaacaaact aattgcactg ggagaagaaa acgccacttt 180
   aaaagctgag ctgctttcac taaaattaaa gtttggttta attagctcca cagcatatgc 240
   tcaagagatt cagaaactca gtaattctac agctgtgtac tttcaagatt accagacttc 300
10  caaatccaat gtgagttcat ttgtggacga gcacgaaccc tcgatggtgt caagtagttg 360
   tattttctgtc attaaacact ctccacaaag ctgctgtgcc gatgtttcag aagtgtcctc 420
   agtagaacac acgcaggaga gctctgtgca gggaagctgc agaagtctcg aaaacaagtt 480
   ccagattatc aagcaagagc cgatggaatt agagagctac acaagggagc caagagatga 540
   ccgaggctct tacacagcgt ccatctatca aaactatatg gggaattctt tctctgggta 600
15  ctacactct ccccaactac tgcaagtcaa ccgactctcc agcaactccc cgagaacgtc 660
   ggaaactgat gatggtgtgg taggaaagtc atctgatgga gaagacgagc aacagggtccc 720
   caagggcccc atccattctc cagttgaact caagcatgtg catgcaactg tggttaaagt 780
   tccagaagtg aattcctctg ccttgccaca caagctcgg atcaaagcca aagccatgca 840
   gatcaaa

```

847

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 813 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: EST

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15:

```

50  atcaatatta gttggaagga ccaggcgcag agcctctctc tgtgacatgt gactctgtca 60
   attgaagaca ggacattaaa agagagcgag agagagaaaac agttcagatt actgcacatg 120
   tggataaaaa caaaaacaaa aaaaaggagt ggttcaaaat gccatttttg cacagtgtta 180
   ggaattacaa aatccacaga agatgttact tgcacaaaaa gaaattaaat attttttaaa 240
   gggagagggg ctgggcagat cttaataaaa attcaaaact tactttctgt gtctagtatg 300
   ttattgagct aatgattcat tgggaaaata cttttttata ctcttttata atggtactgt 360
55  aactgtatcc atattataaa tataattatc ttaaggattt tttatttttt tttatgtcca 420
   agtgcccacg tgaatttgct ggtgaaagtt agcacttggt tgtaaattct acttctctct 480
   gtgtgtttta ccaagtattt atactctggt gcaactaact actgtgtgag gaattgggtc 540
   atgtgcaata aataccaatg aagcacaaac aaçattatgt actgtgtgtc tgtaaagggt 600
   cagtgacaat gaaaaagaca gottgttttg ttcaaaatat agactggatt tcccatagag 660
60  ctcttttaat aggtttccat gactcaataa catagcaaaa tgccctcaga cctaaataag 720
   gtgtttacct actgagggt acagtttacc ctacattttc acagccggat tcaagctgtt 780
   ctagactact tgtaggcact ttcaagggtcc cct

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 573 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: EST

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

15

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

20

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16:

25

```

ggaggtctgct  gggggcgggcg  cgtccagctc  tggggccaggg  ggtccaaagt  gctcagcccc  60
cggggcacag  caggacgttt  gggggccttc  ttccagcagg  ggacagcccg  attggggaca  120
atggcgtctc  ttggccacat  cttgggtttc  tgtgtgggtc  toctcaccat  ggccaaggca  180
gaaagtccaa  aggaacacga  cccgttcaact  taagactacc  agtccctgca  gatcggaggc  240
ctcgtcatcg  ccgggatcct  ctccatcctg  ggcatcctca  tcgtgctgag  cagaagatgc  300
cggtgcaagt  tcaaccagca  gcagaggact  ggggaaccog  atgaagagga  gggaactttc  360
cgcagctcca  tccgccgtct  gtccaccgcg  aggcggtaga  aacacctgga  gcgatggaat  420
ccggccagga  ctcccttggc  acctgacatc  tcccacgctc  cacctgcgcg  cccacggggc  480
cctccgcgcg  cccttcccca  gccctgcccc  cgcagactcc  ccctgcgcgc  aagacttcca  540
ataaaacgt  gcgttcctc  tcgacaaaa  aaaaaa

```

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 486 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: EST

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

55

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

60

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17:

65

```

gccgcacggc ttgctggggc tgggctcttc ctgcggaag tggggaggag gcggttgcg 60
ttagtggacc gggaccggtg ggggtgctgt tgccatcatg gctgaccccg acccccggtg 120
ccctcgctcc tcgatcgagg acgacttcaa ctatggcagc agcgtggcct ccgccaccgt 180
5 gcacatccga atggcctttc tgagaaaagt ctacagcatt ctttctctgc aggttctctt 240
aactacagtg acttcaacag tttttttata ctttgagtct gtacggacat ttgtacatga 300
gagtcctgcc ttaattttgc tgtttgccct cggatctctg ggtttgattt ttgcgttgac 360
tttaaacaga cataagtatc cccttaacct gtacctactt tttggattta cgctgttgga 420
agctctgact gtggcagttg ttgttacttc tatgatgtat atattatctg caagctttca 480
10 tactga 486

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 662 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: EST

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18:

```

40 ctttttttcc ctactccttc cccttcacac ccccggtggc ggaaggaacc tcggcttccc 60
tgaaagcttg ggggtcccac ccttcttacc ccaccggga ggaacgcca gggccccggg 120
cttgtttctc ctcttgtttt ctttttgggc agtttgatca ctgatcgagt aaggaatgac 180
ctttagattg tgcgactttt gtttttggtt ttttaaattt ttttaaacca agaattgattt 240
45 ctctgtcttc cttctcctca ccacttcccc agacggagtt caaaggccac ttctcaagca 300
gcttttggca ccttcagcct cagagtggaa tcttttaaag acaggacccc tatgtccagg 360
aaaggggaaa aggaactttg ccaatgatag tgaccacagc aaaagcaata aaataataaa 420
ataaaaaaca atagcacagc ccttggttgag gtcagcaggg aggaggggct gcccgagatt 480
gggtccttgc ctggattttg acacagcaac ttctgtagt gagcactttg tatgaatcgt 540
50 ggacttcttg ttctcaaggc gcaggatttt attctgtatc tgtctagagc acacaccaa 600
atccaacctt ctaataaaca tgatggcgca gtcccaaaaa aggaaacaga agaagaaaag 660
gg 662

```

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 750 Basenpaare

60 (B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

65 (ii) MOLEKÜLTYP: EST

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19:

```

atagattttg aggggaagga gagaggggaag ggtcagggtg gagacacccc tcccttgccc 60
ctttcctggg cccagaagtt ggggggaggg agggaaagga tttttacatt ttttaaactg 120
ctattttctg aatggaacaa gctgggccaa ggggccagg ccctgtcctc tgtccctcac 180
acccctttgc tccgttcatt cattcaaaaa aacatttctt gagcaccttc tgtgcccagc 240
atatgctagg cccaccagct aagtgtgtgt ggggggtctc tacgccagct catcagtgc 299
ctccttgccc atccttcacc ggtgcctttg ggggatctgt aggaggtggg accttctgtg 359
gggtttgggg atctccagga agcccgacca agctgtcccc tccccctgtg ccaacccatc 419
tcctacagcc cctgcctga tccccctgtg gctgggggca gctcccagga tatcctgcct 479
tccaaactgt tctgaagccc ctcttcctaa catggcgatt ccggaggtca aggccttggg 539
ctctccccag ggtctaacgg ttaaggggac ccacatacca gtgccaaggg ggatgtcaag 599
tggtgatgtc gttgtgtccc cctccccagc agcgggtggg cggggggtga atatggttgg 659
cctgcatcag gtggccttcc catttaagtg ccttctctgt gactgagagc cctagtgtga 719
tgagaactaa agagaaagcc agacccttaa a 750

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 756 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: EST

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20:

```

actaaagaaa acagatggct ggagatgaca tttatccagg gtcactttgt caggccctag 60
gacttaaatc gaagttgaac tttttttatg tttttaacca aatagatagg ggaggggagg 120
aggagagggg aggcacaggga gagaaaatac catgcataaa ttgtttactg aattttttata 180
tctgagtgtt caaaaatattt ccaagcctga gtattgtcta ttggtataga tttttagaaa 240
tcaataattg attattttatt tgcacttatt acaatgcctg aaaaagtgc aacacatggat 300
gttaagtaga aattcaagaa agtaagatgt cttcagcaac tcagtataaac cttacgccac 360
cttttggttt gtaaaagggt ttttatacat ttcaaacagg ttgcacaaaa gttaaaataa 420
tggggtcttt tataaatcca aagtactgtg aaaacatttt acatatTTTT taaatcttct 480
gactaatgct aaaacgtaat ctaattaaat ttcatcacagt tactgcagta agcattagga 540
agtgaatatg atatacaaaa tagtttataa agactctata gtttctataa tttattttac 600

```

tggcaaatgt catgcaacaa taataaatta ttgtaaactt taaaaaaaaa aaaaagtgat 660
 gcttgggtctc aaaggaaaaa ataagatggt aaatgttgat atttacaac ttttctaaag 720
 atgtgtctct aacaataaaa gtttaatttta gagtaa 756

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1001 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: EST

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21:

35	gggggagaga	gggaggcctt	tgggcggtgg	gggccacggg	gaggggtggc	ctcggactac	60
	gtgcgggaca	ggaggtcagg	gctggcaagt	ccctcaggcc	tccctcgttg	ccccagcctc	120
	gcggggccgc	taactgcccc	gttccaaggg	tgccaccgga	ccccgctgga	gaggaacttc	180
	tccgttggct	gatttcatca	ccaccattc	ccgattccac	gtttccttta	agcggggctg	240
	gcggagcgca	agggggcaag	gaactggatt	gcgattggc	agcacgtgcc	tcggtcggcg	300
40	gtacaattgg	ctgaggcgct	gggccttggg	aagcattccc	cgacgggatt	ggtcgtcgct	360
	ctcgagagc	ccgcctccc	cagtacaagc	ggcccccg	tgggggggga	ggaggggact	420
	ccgggaggag	gaacatggcg	gtggcgga	tcgctctcat	toctgatgtg	gacatcgact	480
	ccgacggcgt	cttcaagtat	gtgctgatcc	gagtcactc	ggctccccgc	tccggggctc	540
	cggctgcaga	gagcaaggag	atcgtgcgcg	gctacaagt	ggctgagtac	catgcggaca	600
45	tctacgacaa	agtgtcgggc	gacatgcaga	agcaaggctg	cgactgtgag	tgtctgggcg	660
	gcggggcgcat	ctcccaccag	agtcaggaca	agaagattca	cgtgtacggc	tattccatgg	720
	cctatgggtc	tgcccagcac	gccatttcaa	ctgagaaaa	caaagccaag	taccccgaact	780
	acgaggtcac	ctgggctaac	gacggctact	gagcactccc	agcccggggc	ctgctgcctc	840
	cagcagccac	ttcagagccc	ccgcctttgc	ctgcactcct	cttgacagggc	tgccctgcc	900
50	tgctcctgcg	gcagcctctg	gtgacgtgct	gtccaccagg	ccttgagagac	aggctagcct	960
	ggccacagaa	ttaaactgtg	tgccacacct	gcgggcttct	g		1001

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 896 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: EST

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22:

```

ccaagctgta cttgtcacct cgaattgagc atgcacttgg aggctcctca gctcttcata 60
tcccagcttt tccaggagga ggatgtctca ttgattacgt tectcaagta tgccacctgc 120
tcaccaacaa ggtgcagtac gtgattcaag ggtatcacia aagaagagag tatattgctg 180
ctttttctcag tcaactttggc acaggtgtcg tggaaataga tgcagaaggc ttacaaaaac 240
tcaactctgct gctgatgtgg aaagattttt gttttcttgt acacattgac ctgcctctgt 300
ttttccctcg agaccagcca actctcacat ttcagtcctg ttatcacttt accaacagtg 360
gacagcttta ctcccaggcc caaaaaaatt atccgtacag cccagatgg gatggaaatg 420
aaatggccaa aagagcaaag gcttatttca aaacctttgt cctcagttc caggaggcag 480
catttgccaa tggaaagctc taggaaacac cagtcttgag aggtggccag ccagactgcc 540
tgtccacatg cgtgtcagca catacagcgc ctctctggaa gccgcctgga atgtcttcac 600
ggcagcgttt tgctcacaca gcagcttttg cagcctccag gcagccccga ctgctgaaat 660
ccaacttgag ctggctgggt gtccctggat cctagagccc ttcacttcgg gttactccct 720
ctttcttgcc tctatttctt agttggaaga aataaactca caaattatgg tgcagtaatt 780
ttccggggaa agtaaagcct caggaatgcc cagccttctc ttccaaagcc tttgtctctg 840
agacctctt aagttctaaga ttaaatgccc ctgcgtgttc ttctctgaa aaaaaa
896

```

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 580 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: EST

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23:

```

cgaaacgtgc gcaggcgccg gccgctgcgc tgcagatggc ggaaatggat ccggtagccg 60
agttccccc gctcccggt gctgcgcgt gggctgaggc cttctgcga tgttttacct 120
ggctgcggct gtgtcagatt tctatgttcc tgtctctgaa atgcctgaac acaagatcca 180
gtcatctggg ggccactgc agataacaat gaagatgggt ccaaaactgc tttctccttt 240
ggttaaagat tgggctccca aagcatttat aatttccttt aagttggaga ctgacccccg 300
cattgtaatt aatcgagctc ggaaggcttt ggaaatttat cagcatcaag tgggtggtggc 360
taatattcctt gagtcacgac agtcccttgt gtttattgta accaaagact cggaaaccaa 420
gttattgcta tcagaggaag aaatagaaaa aggcgtagag atagaagaga agatagtggg 480
taatcttcag tctcgacaca cagcttttat aggtgacaga aactgaagta aaaagccctt 540

```

60

65

ataggatcaa aaattgttca gggctcttag agatggtgaa

580

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 740 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: EST

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24:

ggatgcgtgg	cggggagcgc	cgggctctcc	cggaagtctc	cctggacgga	agtggaaacg	60
gaaacctttt	tagggagtcc	aagggtacagt	cgccgcgtgc	ggagttgtta	ctggttactt	120
ggcctcatgg	cgggtccgagc	ttcggttcgag	aacaactgtg	agatcggctg	ctttgccaa	180
ctcaccaaca	cctactgtct	ggtagcgatc	ggaggctcag	agaacttcta	cagtgtgttc	240
gagggcgagc	tctccgatac	catccccgtg	gtgcacgcgt	ctatcgccgg	ctgccgcac	300
atcgggcgca	tgtgtgtggg	gaacaggcac	ggtctcctgg	tacccaacaa	taccaccgac	360
caggagctgc	aacacattcg	caacagcctc	ccagacacag	tgcagattag	gcgggtggag	420
gagcggctct	cagccttggg	caatgtcacc	acctgcaatg	actacgtggc	cttgggtccac	480
ccagacttgg	acagggagac	agaagaaatt	ctggcagatg	tgctcaaggt	ggaagtcttc	540
agacagacag	tggccgacca	ggtgctagta	ggaagctact	gtgtcttcag	caatcaggga	600
gggctggtgc	atcccaagac	ttcaattgaa	gaccaggatg	agtgtctctc	ttttcaagtc	660
ccttggttgcg	gggatgtgaa	cgaagcatta	agtgattctt	gggatgtgta	taatgtgtcc	720
ttcgtgcctg	aaaccaccag					740

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 857 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

60 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

65 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25:

10

ccattcaccatattgaggaacggagtaggaccaagggcagtgggcagcagtcagagcgggg
ctccgaccgcacccctgagcgcagcgcgaaggagaaccactccagtgaagggaccaaggag
tccagcagcaactccctcagcaacagcagacatggggctgaggaacggggggctgcagac
tcttcccacgggaagaaggcaagagacagcagcgaatcaccggaccacagaggccgag
cccaagcctctggaagagccaaaacacgagaccaaaaagctgaagaatctttcagagtac
gctcagacactacagctgggttgggaatgggcttctgggtgttgaaaaacagctgcttcccc
acgtctatgcatatcctagagggggaccaggggggtgatcagcagtcctcctcaaagaccac
acttctgggagcaagctgaccagctgaagatcgcccagcgccttcgactggaccagccc
aagcttgacgaggtcacacgacgcatcaagcaggggagccccaacggctatgcgggtctc
ttagccacccaggcaacccccagtggttggcactgaggggatgccacagtagagccc
ggctcgcagaggcgggttctgaggaacctggtctcctacttgaaacagaagcaggccgcaa
gggtgatcagcttgccagtggggggtccaagggcagagacggcacaggcatgctctacg
ccttcccacccctgcgacttttcccagcagtagcctccagtcagcactaaggacattggggc
aagcttagaagaagaacacattggtgatagtcacgtcagagacactgcctagcccaagc
ctgtctttcccagcgtc

15

20

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 975 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26:

atgggctacaacctgagccccagttcacccagcttctgggtctcccgctactgcccacgc
tctgccaatcctgccatgcagcttgaccgcttcatccaggtgtgcacccagctgcaggtg
ctgacagaggccttccgggagaaggacacagctgtacaaggcaacatccggctcagcttc
gaggacttcgtcaccatgacagcttctcggatgctatgacccaacatctgtggagagtg
gagtgcaccagggacctttcctggcttcttagagtgcagagaagtatgtggacatctcttc
ttttcctgtccctctagaagaacattctcccttgcttgatgcaacactgttccaaaagag
gggtggagagtccctgcacatagccaccaaatagtgaggaccgggggctgaggccacacaga
taggggctgatggaggagaggatagaagttgaatgtcctgatggccatgagcagttgag

60

65

tggcacagcctggcaccaggagcaggtcccttgtaatggagttagtgtccagtcagctgag
 cccaccctgatgccagtggtgagtggtcatcgccctgttacggttagtacctgtgttcc
 5 ctcaccaggccatcctgtcaaacgagcccattttctccaaagtggaaatctgaccaagcat
 gagagagatctgtctatgggaccagtggttggttctgcccacaccataaaatccttggtg
 tgttaacttctagctgcctggggctggccctgctcagacaaatctgctccctgggcatct
 ttggccaggcttctgccctctgcagctgggacccctcacttgctgcatgctctgctcg
 gcttcagtctccaggagacagtggtcacctctccctgccaataacttttttaatttgcac
 10 tttttttcatttggggccaaaagtccagtgaaattgtaagcttcaataaaaaggatgaaac
 tctggaaaaaaaaa

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 854 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27:

agcaaaaagagaagttttatgttgcccagccattgggtcaccttgggtgatgcaccagatag
 45 caggcagatgttggttcattggccttcgtccctcttccctcctaaaataatattggccttta
 ccatcttaactcagctgtgggttttttgggttcttgtttgttttttggcatgaattgt
 catctttgggtgtttttttaacccccagccctcaaaaaataaggcctccaggtatcaag
 gaacacacacacaggtgttctgaccagctcaggcttgccacagtgagcaactctgtggct
 50 atctcatattaggattttctgtccttaattttttgagcaaaatctggaaaatgtgaaagc
 atatttagattttatatactatctgaaatgtgatttggttaagattcttaaatgtggcct
 cttagaataattttgaatgagatctaccgactcacttggtgagaatatttttcacagatta
 tctttgggccttttcattagaaagctgtttgtttgtcccccctgttggtacatttggttac
 55 ctcattttgccgttttcagattgtgaaagctcacaggggtgttttttggaatcatttgctg
 agtcattttctcaaatacatattccattgtatcagtttaacatatagtttttaaatgtatgta
 ttataaataatctgtaaccaaatcatttgaaggcttgataaatttttaacaaagtttgta
 attttttatgaaagttactagtaatgctttactaagtagtgcaatgaatttttattttta
 60 atccctgtgcccatttttgaggttgagagggttggttggttaataaatgtatgatgtacact
 taaaaaaaaaa

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 802 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

10

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:

15

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

20

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28:

25

tttttttcagagtgctagggctttattacaaatggagttgactgctagagaggcccttct
 ccaatctttcttctgtaccttcttccctcccaaagacatccctctaggggaggtcagtag
 gccattaggtaggaggaatctggagagtgaaaaggggccttctttgtcaaagtcctc
 tgaacaaccactgagtcctgaaggctggctccagttgagaatcttctagtggagaggtt
 tagctctcatcttcaaggctcttcatcttctacatcctggggggcctttgtcttcttttgc
 cttttgagctgtggttcaactagtcctggctggctttgaaggggcttccacttccatggct
 gtcttctctttctgggcaagccggatctgctggaggagttttctgcgcttcttccctgac
 agtgtaatgttggcactgcactggacgccgcttcttgaggtggtgccgcgtgatcagc
 ccttggtctatcacagccccgaccaccgggtgcctcagacgccgctcccgattcaacacc
 cgccggcggttgaacagcttcttcttccagctccgttcgggggcgggttgatctttccccc
 ggagctcccatagtcgcgattccactccagttcacggctccgtacttccgctcagcgccgg
 atccgcgggctccgccccggccttccgcggggccaatcgcaactcgggggcggtcctcgg
 gctatataaaggagctccgcggtgcggggaggcccttcggagggtggtgagctagtaagtg
 tggtttttagctgtagtagccag

30

35

40

45

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 807 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

50

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

55

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

60

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

65

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29:

ccccggtccgcggtggtggctgctgctgcatgtccctgcgatgggagtcttgtgcccc
 gcctgtcagtttctctcccagggcagagctcccttccctgcaagagtctgggagggcgggtg
 caggctgtcctggctgctctggggaagccgagggacagccataacacccccgggacagta
 ggtctgggcgccaccactgggaactctggacttgagtgtgtttgcctcttcttgggtat
 gaatgtgtgagttcaccagaggcctgctctcctcacacattgtgtggtttggggttaat
 gatggagggagacacctcctcatagacggcagggtgccacctttcagggagtctcccagc
 atgggcggtatgccgggcatgagctgctgtaaactatgttggtgctgctgcttgagtgc
 gtctctgtcgtgtgggtgccaagtgtgtgtagaaactgtgttctgagccccctttct
 ggacaccaactgtgtcctgtgaatgtatcgctactgtgagctgttcccgccctagccaggg
 ccatgtcttaggtgcagctgtgccacgggtcagctgagccacagtcccagaaccaagctc
 tcggtgtctcgggcccaccatccgcccacctcgggctgacccacctcctccatggacagt
 gtgagccccgggcccgtgcatcctgctcagtggtggcgtcagtgctggggctgagcccccttg
 agctgcttcagtgaatgtacagtgtccgggcacgagctgaacctcatgtgttccactccca
 ataaaagggtgacagggaaccccccccc

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 777 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30:

ctctctgccagctgatgtgccctgttgccccccaccccatcccgccacagaaccatccctg
 cattccacaggggactcgggcaagggtgccgaagatagacaagaggcacacagagacaga
 ccaactggcagccaggcagccccagggagagagacattcagacagaggaaagtctccct
 gccctcattccttccaagatgagaaaaacttgccgccacccccgacactgatgccagg
 gaggtgggaggaagaagtgggaaatttcccttcccagtaacccccagaacgtctgagcct
 tcaatgttgaaattttttctttattaaaattacttttatcttataaaatcaactaatcaaa
 aatgatatagacgacagcactggctctgtgaagggtggcatcttcttctgggcaggcagcca
 tggggcatggaggaggggtgcaaagatatgggttgctgtcttcttctggcctccagctgcatgg
 aggccggcccagggtctaggggtgtgactgggcaagggcagggcggcagggtgtcaggccg
 gcttggaacaatgaaacctgacctgtgctgcatcttcttcttccaccaccactagcttc

tttggaaatcttgggggtgggggtcatctttggggattatggctgccacccgggatttgagt
 gtagggagtgtgggagcagccttggcagatggggcaccctgtccctgcaggtgttgacaa
 gatccgccatctgtaatgtccttggcacaataaaaccaaagtgtcagtttcaaaaaaa

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 501 Basenpaare

10

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31:

35

ccggattccgccccgcccgtgcatccggttccgctccccacaaccgctctgtggcgg
 ggcttccgggtcgggaggggtccgccagctctcgctcctttgctgggtccagacaccgggt
 ccgttgcaaacatttttaaagggtggttattcttccctgaaatgagtttggtgattagaa
 atctgcagcagtcacccccatcaggagagcgccacttcgcagtaagatcgagattgtaa
 ggaggatttttaggagtgagaaaatttgacctggggatcatctgtgttgacaacaagaata
 ttcagcacattaatagaatctacagagatagaaatgtcccaaccgatgtgctttcttttc
 catttcatgagcatctgaaagcaggtgaatttccccagcctgattttccagatgactaca
 atttgggagacattttcctaggagtggagtatatcttccatcagtgtagagaagatgaag
 attacaatgacgtcctgactg

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1104 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

65

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32:

atTTTgaccctaactTTTtTggaaggaaaagtaaaggaggatcctgaccagggggaatcca
tgaaacctTTtaacctTTtgcaaggttctacttGCCaattctggTtcccagcgcaaagaagg
ccatatacatggatgatgatgtaattTtgcaaggtgatattcttGCCctTTtacaatacag
cactgaagccaggacatgcagctgcattTTtcagaagattTgtgattcagcctctactaaag
ttgtcatccgtggagcaggaaaccagtacaattacattggctatcttgactataaaaagg
aaagaattcgtaaagctTTtccatgaaagccagcactTgtcattttaatcctggagTtttTg
ttgcaaacctgacggaatggaaacgacagaatataactaaccaactggaaaaatggatga
aactcaatgtagaagagggactgtatagcagaacctggctggtagcatcacaacacctc
ctctgcttatcgtattTTtatcaacagcactctaccatcgatcctatgtggaatgtccgcc
acctTggTtccagTgctggaaaacgatattcacctcagTttgtaaaggctgccaagttac
tccattggaaatggacattTtgaagccatgggggaaggactgcttcatactgatgtttggg
aaaaatgggtatatattccagacccaacaggcaaattcaacctaatccgaagatataccgaga
tctcaaacataaaagtgaaacagaaTTtTgaactgtaagcaagcattTtctcaggaagtcctg
gaagatagcatgcgtgggaagtaacagTtgctaggcttcaatgcctatcggttagcaagcc
atggaaaaagatgtgtcagctaggtaaagatgacaaactgccctgtctggcagtcagctt
cccagacagactatagactataaataTgtctccatctgccttaccagTgttttcttact
acaatgctgaatgactggaaagaagaactgatatggctagTtcagctagctggtagat
aattcaaaactgctgtTtggTttttaattTTtTgtaacctgtggcctgatctgtaataaaact
tacattTTtTcaaaaaaaaaaaaaaa

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 809 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33:

GCCATCCTTTATCATCCACAGCAATCCCATCTGGTGGGAGCACTGCTCTGGGTCTCACA
CTGCCCTCTCTATCCTAGGGAGCCTGAGGCCAGGGGTGGAAAGATCCAGTTGCGGGT
GGGGGGTAGTGAACCGTGCAGGATAATGAAAGCAACTTGCTTTGGAAATGACCTACCGCT
ACCCGTTGTCTGAGACTGAGATTATCTCAGACTGTCTTCTGGCTTCTGCCAAAACACTCC

CTTAACAGAAAGCACCGAGGGGATGGGGGTAGGGGGGTTGGGGAGAGTGAGGCTTGAGTG
TGAAGGAAGTCTCATATATGCAGAGCTGAAATCTCCCTCTTTGTATGTCCACACTTTTGT
CTTGTTCTCTAGACTGATTCTTGCTATTCCAAATCCTCTTCCACGTTGACAGCCCTTCAG
ATATTTCAACACTCCTCTCAGCATCCTCCACTTCCCCCATCTCTCCAAGCTGAACTTGGT
TCACAGGGTGGGATTGTGTATGTGCATGCAGGAGGTGGGGGTGGACAGTGCCCTGGGCTG
GAATCCCCCTTAGTTCTAAGTGCCTCCTTGCCCCGAGCTTCGAGAGCTGTGCCCAGGAGT
GAACAACCAGCCCTACCTCTGTGAGAGTGGTCACTGCTGCGGGGAGACTGGCTGCTGCAC
CTACTACTATGAGCTCTGGTGGTTCTGGCTGCTCTGGACTGTCCTCATCCTCTTTAGCTG
CTGTTGCGCCTTCCGCCACCGACGAGCTAAACTCAGGCTGCAACAACAGCAGCGGCACGT
GGAAATCAACTTGTGGCCTATCATGGGG

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 580 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34:

AGGCGGGCGCACTGAGGCGGGCAGGCGCTGCGGCAGGAGGGAAGATGGCGGACGAGGAGAA
GCTGCCGCCCCGCTGGGAGAAGCGCATGAGCCGCAGCTCAGGCCGAGTGTACTIONTCAA
CCACATCACTAACGCCAGCCAGTGGGAGCGGCCAGCGGCAACAGCAGCAGTGGTGGCAA
AAACGGGCGAGGGGGAGCCTGCCAGGGTCCGCTGCTCGCACCTGCTGGTGAAGCACAGCCA
GTCACGGCGGCCCTCGTCCTGGCGGCAGGAGAAGATCACCCGGACCAAGGAGGAGGCCCT
GGAGCTGATCAACGGCTACATCCAGAAGATCAAGTCGGGAGAGGAGGACTTTGAGTCTCT
GGCCTCACAGTTCAGCGACTGCAGCTCAGCCAAGGCCAGGGGAGACCTGGGTGCCTTCAG
CAGAGGTCAGATGCAGAAGCCATTTGAAGACGCCTCGTTTTGCGCTGCGGACGGGGGAGA
TGAGCGGGCCCCGTGTTTCACGGATTCCGGCATCCACATCATCTTCCGCACCTTGAGTGAG
GGTGGGGAGCCCAAGCCTGGCCTCGGGGCAGGGAGGGCGG

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 825 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35:

TGGAAATCATGGCAACTACACAGGATGTTGCTTACCAGGACGGAGTTTTGGTATCTTAGT
 ACTGAAGTTAGCACTATGTTTACATGCAAAAGATTAAGGAAAAAACCTTAAAGTGGACA
 GGTATCCAAAGTTCATTTTCTGTGACTCATCAAAGTGACAAAAGACTTGTAACAACCTTG
 CCTGGACTTTTTTCATTTTACAACAGTTCATCCATTACAAATGATTTTGTTCTCTGCTCC
 ATATTTTTTAATCCCTTAAGCATTGATGAAACACTCTTTAGTGCTATATGCATTTTCTT
 ACTTTTGTTAAAAATGTGACAATTGTCAAAAAATGCACTAAAATGTAAATGGAGATTGAA
 CAAGTTCACCTTCCAGCTTATAGGCAACTTTATACAGACTTGAACATTTTCTCCAGTTGT
 TTAGTAAAAGTGAAAGAGAAAGGGTTTTCTGCCACAGGATATAACTTTTTTTTATATA
 ACAAGCATAACACACCACTGCTTTTGGTGGAAGAGTGCAGAAATAGTATGTACCTTTTATG
 AAGAAAAATGTAATTTACAATATTCAGTGAGAATGTTACTGCTGATTTTCTTTTCCAAGG
 TGTAAGAATATCTTTGATTTATAGAATTCATTTTGGACCCAGATGATGGTTCCTTTACAG
 AACAATAAAATGGCTGAACATTTTCACAAATAGAGTGTAAACGAAGTCTGGATTTCTGATA
 CCTTGTCATTTGGGGGATTTTATTTTACTTTGTTGCTTTAAAATTCAATGCAGAGAAGTT
 GTTGACTGTAGGGGAAATAAAGTTAATTCAAATTTTGAAAAAAA

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 798 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36:

AGCTTTTGTTCACACTTTAAATAGCAGTCCCAGAATGATTTCACTACAGACTCTCTGGAA
 AGCCTGGGAGCTGAATTCGGGAAGATCCCCACATCGATGAAAGCAAAGCGAAGCACCAAG
 CCATCATCATGTCCACGTCGCTACGAGTCAGCCCATCCATCCATGGCTACCACTTCGACA
 CAGCCTCTCGTAAGAAAGCCGTGGGCAACATCTTTGAAAACACAGACCAAGAATCACTAG
 AAAGGCTCTTCAGAACTCTGGAGACAAGAAAGCAGAGGAGAGAGCCAAGATCATTTTGT
 CCATAGATCAAGATGTGGAGGAGAAAACGCGTGCCCTGATGGCCTTGAAGAAGAGGACAA
 AAGACAAGCTTTTCCAGTTTCTGAAACTGCGGAAATATCCATCAAAGTTCAGTGAAGAG
 AAGAGGATGGATAAGGACGTTATCCAAGAATGGACATTCAAAGACCAAGTGAGTTTGTGA
 GATTCTAACAGATGCAGCATTTTGTCTGCTACCTTACAAGCTTCTCTTCTGTGTCAGGACTCC
 AGAGGCTGGAAAGGGACCGGGACTGGAAAGGGACCAGGACTGAACAGACTGGTTACAAAG
 ACTCCAAACAATTTTCATGCCCTGTGCTGTTACAGAGGAGAACAAAATGCTTTCAGCAAGG
 ATTTGAAAACCTCTTCCGTCCCTGCAGGAAAGGATTGACGCTGATAGAAGAGCCTGGACAG
 ATGTAATGAGAACTAAAGAAAACGATGGCTGGAGATGACATTTATCCAGGGTCACTTTGT
 CAGGCCCTAGGACTTAAA

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 456 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:37:

GATTATTGCAAAAAGGGGCACGGGGCAGAGGGACTATGTTGTGAGCCTGCGAAAGAAGTTT
 GTGTGGGGACTGTGGGCAGTGAATGCGTTGGGAACAATATGGAAAACCTGGGAGCTGCCTT
 GGAATCTACAGGGCCGGGCTGAAGAAAAGAAGAATGGTATTCATGCAGTTCATTTTAC
 AGATGAAAACAAGAGGACTTTTTCTGTGAAGTCAAGAAAGTGGTTACAATGGTACTTTCA
 GCCTGTCCGAATTATGTATTGCCCTCCCCCTTTTTATTAATAACATTGAAGTGTGATGGG
 ACAACCACTGAAGCCGTCTGTTGAAACCTGCTGGGACTTTTTAGCCATTCTCTTCAACAT
 AAAGAATGGGTGTTTTTGGAGGGGGTGAGAGGAATGGGGAAATGTTGTCAAAGAGTACAA
 TGTTTTAGTTGAGACAGGAGGAATATATTTTGTGA

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1742 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38:

25	aatattat	ttttcatg	tctgtcaggt	tttatttata	gagtctggtg	aacttgaact	60
	agagaaagct	gcaaaaagt	gtttggagag	catggcaggg	ccatggagaa	gggctaata	120
	aagcaggtcc	cttgcacaga	ccctcagggg	gcccttttgg	tggatagcgg	acacctgagg	180
	caggaggtgg	caggggcca	gtccaggcag	gcagcagcag	ggctgcaact	gagagctgag	240
	gctggagagg	tagcgtctgc	cctaacctga	tctgcaggt	ctcaggccct	ggggtcata	300
	actcgcccca	tgaagacagg	gaacttgtgc	tgctgggtccc	agagcacgaa	gaggaagggc	360
30	tgctgcactt	caaagaccag	caggggtgcg	gccacagaga	tggcggaggc	tgacgcccgc	420
	tccaccccag	tctctgtcag	ttccagcact	gtctgggtgct	gcacgcgaga	aacctgaaga	480
	tctgggtcct	ctgtcagccc	acacagggtta	aggctcataag	aaaaatcgaa	gaattccaat	540
	ttctccatga	ttgagagcat	atcctgggtg	gtcgtcactt	tgatgcgggg	tagtggttagg	600
	agagtgggct	ggaacttgga	catctccagt	ttctccatga	tggccttgaa	aacagaaggg	660
35	ctgagagcct	gttccatgtc	ttcaagacga	tgtttcaggt	tctgggggtac	caggatcacc	720
	aaactcagat	tgtgggagag	ctgcagctgc	cccaccttgg	ctttcaaagt	ttgggtcaatg	780
	aaatgggcca	cagggtaact	cttgctattc	atcatgggca	cttttataac	tgagtttttg	840
	aagtgaaggg	gttccattct	ggttttcttg	ggatcaaatg	ttgtcttcca	cttggcactc	900
	aggtagatag	cattgaggag	gacaaggcgg	gtatcggagg	gcagactgtc	tagcagccgg	960
40	ctgatcttgt	tgttggtgtt	cttggccacc	caggtgttga	tgagctccaa	agttgaatag	1020
	caagaagtac	cctgtggccc	atttcattga	ccaaactttg	aaagccaagg	tggggcagct	1080
	gcagctctcc	cacaatctga	gtttggtgat	cctgggtacc	cagaacctga	aacatcgtct	1140
	tgaagacatg	gaacaggctc	tcagcccttc	tgttttcaag	gccatcatgg	agaaactgga	1200
	gatgtccaag	ttccagccca	ctctcctaac	actaccccg	atcaaagtga	cgaccagcca	1260
45	ggatatgtct	tcaatcatgg	agaaattgga	attcttctgat	ttttcttatg	accttaacct	1320
	gtgtgggctg	acagaggacc	cagatcttca	ggttttctg	atgcagcacc	agacagtgtc	1380
	ggaactgaca	gagactgggg	tggaggcggc	tgacgctcc	gccatctctg	tgcccgcac	1440
	cctgctgtgc	tttgaagtgc	agcagccctt	cctcttctgt	ctctgggacc	agcagcacia	1500
	gttccctgtc	ttcatggggc	gagtatatga	ccccagggcc	tgagacctgc	aggatcaggt	1560
50	tagggcgagc	gctacctctc	cagcctcagc	tcttcagttg	cagccctgct	gctgcctgcc	1620
	tggaattggc	ccctgccacc	tctgctctca	gggtgtccgt	atccacccaa	agggctccct	1680
	gagggctctg	ggcaagggac	cgtgcttcta	attaagccct	tcttccaatg	ggccttgcac	1740
	ggc						1743

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 802 Basenpaare

60 (B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

65 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39:

CTTGACTCCGCCCTCTCTCCCTCTGCCCCGCTTTCAATAAGAGGCAGAGACAGCAGCCAGA
GGAACCGAGAGGCTGAGACTAACCAGAAACATCCAATTCTCAAACCTGAAGCTCGCACTC
TCGCCTCCAGCATGAAAGTCTCTGCCGCCCTTCTGTGCCTGCTGCTCATAGCAGCCACCT
TCATTCCCCAAGGGCTCGCTCAGCCAGATGCAATCAATGCCCCAGTCACCTGCTGTTATA
ACTTCACCAATAGGAAGATCTCAGTGCAGAGGCTCGCGAGCTATAGAAGAATCACCAGCA
GCAAGTGTCCCAAGAAGCTGTGATCTTCAAGACCATTGTGGCCAAGGAGATCTGTGCTG
ACCCCAAGCAGAAGTGGGTTCAAGATTCCATGGACCACCTGGACAAGCAAACCCAACTC
CGAAGACTTGAACACTCACTCCACAACCCAAAGAATCTGCAGCTAACTTATTTCCCCTAG
CTTTCCCCAGACACCCTGTTTTATTTTATTATAATGAATTTTGTGTTGATGTGAAACA
TTATGCCTTAAGTAATGTTAATCTTATTTAAGTTATTGATGTTTTAAGTTTATCTTTCA
TGGTACTAGTGTGTTTTTAGATACAGAGACTTGGGGAAATTGCTTTTCCTCTTGAACCACA
GTTCTACCCCTGGGATGTTTTGAGGGTCTTTGCAAGAATCATTAATACAAAGAATTTTTT
TTAACATTCCAATGCATTGCTAAAATATTATTGTGGAAATGAATATTTTGTAACATTAC
ACCAATAAATATATTTTTTGTA

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1183 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40:

gccaatcgaatcgctcctgggagggctttttcacagggcggggcccctgtccctctacacggcc
 ctcacctgccccaccctctggctggcatcgctggcggtgagctgctggctgcctctgcac
 cgggccttccccaggcagctaattggcagtgccaaggacctggccatactccagtggcat
 5 ggggagctggaccccatgggtgccgtacgggttggggccctgacggctgagaagctccgg
 tctgttgtcacacctgccaggggtccagttcaagacatacccgggtgtcatgcacagctcc
 tgtcctcaggagatggcagctgtgaaggaattttcttgagaagctgctgcctcctgtctaa
 ctagtcgctggccccagtgagctaccccagctcatgggggactcagcaagcaagcgtggc
 10 accatcttggatctgagccggtcgagccctgtccccacccttctgacctgtccttttc
 ccacaggcctctgggggaggtggcaaggcctggccgggccccttcttctgaccttagcc
 acctggctctgtctgcagcaggggaggtgcttttcttatccatttccctggaggcgggc
 cccctggcagcagctattggaggggctacaggcagctggagaaaggggcccagccgctga
 15 cccactcactcaggacctcactcactagccccgctttggggcccccctcctgtgacctcagg
 gtttggcccatggggccctcccaggccccctgcccactgattctgccagataatcgctg
 tctcctgcctccactcagctgcttctcagtcataatgtggccatggccccggggtcccc
 ttgctgctgtggggtccctgtccctgggcaggagtgctggtgaggaggtggagccttttg
 aggggggcccctcccctcagctgtttccccacactgggggggctgggcccctgcctccccgtta
 20 cccctccttcccctcaggcctggagcctgtagggctggactgaggttcaggtctccccca
 gctgtctcacccccactttgtccccactctagagcaggaggcagtgggggaggagttgt
 gtctcgtcttctgtctccatgtgggttttgggtgtttttcttgtgtgtcctggattccg
 ataaaattaaagaaattgcttctcaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaa

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:41:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 768 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41:

gtttttttttttactgcagaaaattggtggtattttcacattcatagtgtttctatccaa
 tttcagtagccacatttaattgaggaaaaaatgttttaccatgaaggagggaattctttaa
 ttagctgtaattgtaggttgagaaaaatttggtatttagggatattttcaaggtagcatca
 aatcagatttctgtttttttgttaaaaaaaatttttttaatacagtagttgtttttacaagt
 aatatactttgaaactcttgaactaatagtctcaaaaactctagaggacagctctgagaac
 65 acgtattttctattgttctaaataaatacatgtttttgaaatagttcaatcatgaattattg
 actatgtcttcatcaaaagtgttaatccctctcagggtctctggtgaagaccttcaagag
 tttggttttttctcccaggaaaattggaaggtagaattgtaaattcatagaacttctttta

taatggtgtacctcagcagctgcctttcaatttatgccagtccttacagagtttatact
 tgaatagtaaatatgtcttctgagttttacagtgcttaaactcaatgcacattttttt
 tcttctttttccacccttcttgtttgtagttcattatacctgtcctattacagaactga
 tttccttcctggctgtacatgttgggggtgctggattttttccgtgtcttttagtcttcgg
 atacatgttctcttcttttagcttgtggtgaatacagtaatttgcattg

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1029 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42:

ccctgctgtgaagtcctggcaggtgttggtaattgtgtggaaatgcagtcagcaagtttgc
 tggggagtttgataaaagtataaaacaaaaacaaaaaaagcctcggtataattttgttcca
 cgacttcttctgtagctttacaccagaaggaaggaatgggctacagcaggtagtgagga
 agaggggggtgagcaggtgtattaaaatagcttacgggtaaggcctaaaaggtcacccct
 cggcccccctctccaaaagaaggcatgggcacccccaggagaggatggccccaaaaacct
 tatttttatacatgagagtaataaaacatattttttttacaaaaataacttctgaattta
 tcagtgttttggcgttaaaaaatattcctctatagtaaattattttattggaagatgacttt
 tttaaagctgccgtttgccttggccttggtttcatacactgattttatttttctatgccagg
 cagtagagtctctctgcctctgaggagcaggctacccgcacccactcagccctcccta
 cccctcaagatttgatgaaaattccaaccatgaggatgggtgcatcggggaagggtgaga
 aggagagcctgcctgctcagggatccaggctcgtagagtcactccctgccgctctccag
 agatgcttcaccagcacctgcctctgagacctcgctctctgttccagcaaccctgggtgg
 ggggtcagacttgatacactttcaggttgggagtggaacccacccagggcctgctgagga
 cagagcagccaggccgctcctggctcactttgcagttggcactgggttggggaggaagaga
 gctgatgagtgtggcttccctgagctgggggttccctgcttgtccagttgtgagctgtcc
 tcggtgttaaccaggctgtgcctagagagtgagatttttgatgaaagggtgtgctcgctc
 tctgcgttctatcttctctctcctccttgttccctgcaaaccacaagataaaggtagtggt
 gtgtctcga

40

45

50

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

60

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 736 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43:

```

attcctgggttgaaatattttgtagggattgcttattatattatttttagctgatgaacct
caggacaacggctacagacacacatacacacgcacacaaaaatctcagctggtgaag
agtgggcttggaatcagacttctgtgtccagtaaaaaactcctgcactgaagtcattgtg
acttgagtagttacagactgattccagtgaacttgatctaatttcttttgatctaataatgaa
tgtgtctgcttaccttgtttcttttaattgataagctccaagtagttgctaattttttg
acaactttaaatgagtttcattcacttcttttacttaatgttttaagtatagtaccaata
atttcattaacctgttctcaagtggtttagctaccattctgccatttttaatttttattt
aattttatttgcttgagcacactgatcaaccactgaactgccttcttccattgtcctgca
atgatataagggttacatttttgtgtatatggctttcatagttgggatttcagagcactg
ataccagataattttcagtttggttctctgggggaatttcatttgcacatctatgttttttagct
atctgtgataacttgttaaatattaaaaagataattttgcttctattggaacatttgtata
ctcgcaactatatttctgtaaacagctgcagtcaaaaataaaacactgaaagttttcatt
ttgcagtggaaaaaaa

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1216 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44:

aactgttccattttccgtatctgcttcgggcttccacctcatttttttcgctttgccc
 tctgtttcagccagtcgccaagaatcatgaaactcgccagtgggaagcaccgccaccgcg
 ccgcgccccagctgcgcgctgaaggccggcaagacagcgagcgggtgcgggagaggtggt
 gcgctgtctgtctgagcagagcgtggccatctcgcgctgaaggggcggggacactggcc
 tgcctgtctggacgagcagcaggtaaactgctgctctacgacatgaacggctgttactc
 acgcctcaaggagctggtgcccacccctgcccagaaccgcaaggtgagcaaggtggagat
 tctccagcacgtcatcgactacatcagggaaccttcagttggagctgaactcggaatccga
 agttggaacccccgggggcccagggctgcgggtccgggctccgctcagcaccctcaacgg
 cgagatcagcgccctgacggccgaggtgagatccagatccgaccactagatcatccttat
 accgacggggaaacggaggccagagaggcggtggcgcttgaccacttccgtcccatcc
 ttgcggttacctggctatgcgggggtgcctaaggagcctggaaaaagcgtcccccgctg
 tgcttcctggggaagggggcggttcgctgcgctcgagcggtcccttccaaccgcgg
 tctcatttcttctcgtttttcacaggcgcatgcgttcctgcggacgatcgcatcttgtgt
 cgctgaagcgccctccccagggaccggcggaacccagccatccagggggcaagaggaatt
 acgtgctctgtgggtctcccccaacgcgcctcgccggatctgagggagaacaagaccgat
 cggcgccactgcgccttaactgcacccagcctggggctgaggctgaggcactggcga
 ggagaggcgctcctctctgcacacctaactagtcaccagagactttaggggggtgggattc
 cactcggtgtgtttctattttttgaagagcagacattttaaaaaatggtcacgtttggtgc
 ttctcagatttctgaggaaattgctttgtattgtatattacaatgatcacgactgaaaa
 tattgttttacaatagttctgtggggctgtttttttgttattaaacaataatttagatg
 gtgaaaaaaaaaaaaaa

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1158 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45:

GGACCGTGTGTCGGCCGTGGCGCTGCCCCAAGCTGCCCATCTCGCTCACCAACACCGACCT
 CAAGGTGGCCAGCGACACACAGTTCTACCCTGGCCTCGGGCTGGCCCTGGCCTTCCACGA
 CGGCAGCGTCCACATCGTGCACCGGCTCTCACTGCAGACCATGGCCGTCTTCTACAGCTC
 CGCGGCCCCGAGGCCTGTGGATGAGCCGGCCATGAAGCGCCCCCGACCGCGGGCCCCGC
 CGTCCACTTAAAGGCTATGCAGCTATCGTGGACGTCACTGGCCCTGGTGGGGATTGACAG
 CCACGGGAAGCTGAGCGTGTCTCCGCCTCTCACCTTCCATGGGCCACCCGCTGGAGGTGGG
 GCTGGCGCTGCGGCACCTGCTCTTCCTGCTGGAGTACTGCATGGTGACCGGCTACGACTG
 GTGGGACATCCTGCTGCACGTGCAGCCCAGTATGGTACAGAGCCTGGTGGAGAAGCTGCA
 CGAGGAGTACACGCGCCAGACCGCTGCCCTGCAGCAGGTCTCTCCACCCGGATCCTGGC
 CATGAAGGCCTCGCTCTGCAAGCTGTGCCCTGCACGGTGACCGCGTGTGCGACTACCA

CACCAAGCTCTTCCTCATCGCCATCAGCTCCACCCTGAAGTCGCTGCTGCGCCCCCACTT
 TCTCAACACGCCTGACAAGAGCCCCGGCGACCGGCTGACCGAGATCTGCACCAAGATCAC
 CGACGTCGACATTGACAAGGTCATGATCAACCTCAAGACGGAGGAATTTGTGCTGGACAT
 5 GAACACACTGCAGGGCGCTGCAGCAGCTCTTGCACTGGGTGGGCGACTTCGTGCTGTACC
 TGCTGGCCAGCCTACCCAACCAGGGTTCCCTGCTGAGGCCGGGCCACAGCTTTCTGCGGG
 ACGGCACCTCGCTGGGCATGCTTCGGGAATTGATGGTGGTCATCCGCATCTGGGGCCTTC
 TGAAGCCCAGCTGCCTGCCCCGTGTATACGGCCACCTCGGATACCCAGGACAGCATGTCCC
 10 TGCTCTTCCGCCTGCTCACCAAGCTCTGGATCTGCTGTGCGGATGAGGGCCCAGCGAGCG
 AGCCGGACGAGGCGCTGGTGGATGAATGCTGCCTGCTGCCCAGCCAGCTGCTTATCCCCA
 GCCTGGACTGGCTGCCAG

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 689 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46:

AGAGCGGCCGCCCTCTTTTTTCTCTTTCTTTTTTTTTTTTTTGCATATCAGAAATGC
 ATTTTAATTTTTATTTGAAAACAACTTAAATTTTTAGACAAATGATTTTAGTATATAAAT
 TTGCTTTTGTTTTTATACAGAATATAAAGATTTCCCTCATTAATCTTCCATGTGAAGGGT
 50 ATTACAAGCCTGGAGGAAGATACTTTCTGCACACAAGTATGTATCTTATGTGTGCAGTAT
 TGGAAACCAATGGTGTAGTGCTCCTACACATAAATGGGGTCAAGTGACATCACAAATTAA
 AAGGGGGAAAGAGAAATATTCTAGTTAATCAGATGCAAGAAGCAAACAAGACGCAAAAAC
 TGTGCAATAAGACCAAGCCAGTAACCTTTAGTTACGACACTGCAGATTACACTGGAATAA
 55 CAGGTTTGTGAGGCTATAGTGTGCACCACATTAACAGCAAGAAAGAGCTATTTATATA
 GAAAGGCTGGAATGAGGGATTTTACTAAAGCAAATTAACCTTCTTGTCAACTGCCAAAAC
 AAAACAAAACAGCATATGAGTGTTAGTATACTGAAGGCATGTTATACCAGTTTCTGTG
 CAGCATGCTAAAAGTTAGAATCTTCACTGGTGCTTATCAATCATTAATAGTCACGTTT
 60 TTGCCCCCTCTTGCCAAATTTTCGAGGCAT

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1223 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

- (C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47:

TGAAGAACTACCTAAGAAGGTCACACCCTCTTCATTCACTTCAGAAATAATACCAACAAC
TGGAGGGAGATCCAGAAAACCTGATGGACCAGTACAGCGAGGTTAATGCCATCAGCACC
GCCTGCTCCAACGGAGTTCCAGAGTGTGAGGAGATGGTCTCTGGCCTTTTCAAGCAGTGG
ATGGAGAACCCCAATAATAACCCGATCCACCCCAACCTGCGGTCCACCGTCTACTGCAAC
GCTATCGCCCAGGGCGGGGAGGAGGAGTGGGACTTCGCCTGGGAGCAGTTCGGAAATGCC
ACACTGGTCAATGAGGCTGACAAGCTCCGGGCAGCCCTGGCCTGCAGCAAAGAGTTGTGG
ATCCTGAACAGGTACCTGAGCTACACCCTGAACCCGGAAGTCTGGTCTGGGACTTT
ACCTCTACCATCATCAGCATTACCAACAACGTCATTGGGCAAGGTCTGGTCTGGGACTTT
GTCCAGAGCAACTGGAAGAAGCTTTTTAACGATTATGGTGGTGGCTCGTTCTCCTTCTCC
AACCTCATCCAGGCAGTGACACGACGATTCTCCACCGAGTATGAGCTGCAGCAGCTGGAG
CAGTTCAAGAAGGACAACGAGGAAACAGGCTTCGGCTCAGGCACCCGGGCCCTGGAGCAA
GCCCTGGAGAAGACGAAAGCCAACATCAAGTGGGTGAAGGAGAACAAGGAGGTGGTGCTC
CAGTGGTTACAGAAAACAGCAAATAGTCCCCAGCCCTTGAAGTCACCCGGCCCCCATGC
AAGGTGCCCACATGTGTCCATCCCAGCGGCTGGTGCAGGGCCTCCATTCCTGGAGCCCGA
GGCACCAGTGTCTCCCTCAAGGACAAAGTCTCCAGCCCACGTTCTCTCTGCCTGTGAG
CCAGTCTAGTTCCTGATGACCCAGGCTGCCTGAGCACCTCCCAGCCCCTGCCCTCATGC
CAACCCCGCCCTAGGCCTGGCATGGCACCTGTGCGCCAGTGGCCTGGGGCTGATCTCAGG
GAAGCCCAGCTCCAGGGCCAGATGAGCAGAAGCTCTCGATGGACAATGAACGGCCTTGCT
GGGGGCCGCCCTGTACCCTCTTTACCTTTCCCTAAAGACCCTAAATCTGAGGAATCAAC
AGGGCAGCAGATCTGTATATTTTTTTCTAAGAGAAAATGTAAATAAAGGATTTCTAGATG
AAAAAAAAAAAAATTAGAAAAA

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 958 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48:

GTGTGGAGGGCCCAGATTGTGGCCACCACGGTGATGCTGGAGCGGAAGTGCCTCGCTGC
CTGTGGCCTCGCTCCGGGATCTGCGGACGGGAGTGTGGCCTGGGAGACCGCTGGTTCCTG
CGGGTGAAGACAGGCAAGATCTCAACCGGCAGCGGATCCAACGCTACGCACAGGCCTTC
CACACCCGGGGCTCTGAGGATTTGGACAAAGACTCAGTGGAAAACTAGAGCTGGGCTGT
CCCTTCAGCCCCCACCTGTCCCTTCCTATGCCCTCAGTGTCTCGAAGTACCTCCCGCAGC
AGTGCCAATTGGGAAAGGCTTCGGCAAGGGACCCTGAGGAGAGACCTGCGTGGGATAATC
AACAGGGGTCTGGAGGACGGGGAGAGCTGGGAATATCAGATCTGACTGCGTGTTCCTCACT
TCGCTTCCTGGAACCTTGCTCTCATTTTCCTGGGTGCATCAAACAAAACAAAACCAAACA
CCCAGAGGTCTCATCTCCCAGGCCCCAGGGGAGAAAGAGGAGTAGCATGAACGCCAAGGA
ATGTACGTTGAGAATCACTGCTCCAGGCCTGCATTACTCCTTCAGCTCTGGGGCAGAGGA
AGCCCAGCCCAAGCACGGGGCTGGCAGGGCGTGAGGAACTCTCCTGTGGCCTGCTCATCA
CCCTTCGACAGGAGCACTGCATGTGAGAGCACTTTAAAAACAGGCCAGCCTGCTTGGGC
GCTCGGTCTCCACCCAGGGTCATAAGTGGGGAGAGAGCCCTTCCCAGGGCACCCAGGCA
GGTGCAGGGAAGTGCAGAGCTTGTGGAAAGCGTGTGAGTGAGGGAGACAGGAACGGCTCT
GGGGGTGGGAAGTGGGGCTAGGTCTTGCCAACTCCATCTTCAATAAAGTCGTTTTTCGGAT
CCCTAAGCGGGAAAAAGGGTACGAGAGGTGAGTTCGAAACAGACCAGCGGGACTGGCC

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 572 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 49:

GCCCCCTCCTCTAGCTGTGGGGGTGAGGGTCCCATGTGGTGGCACAGGCCCCCTTGAGTG

GGGTTATCTCTGTGTTAGGGGTATATGATGGGGGAGTAGATCTTTCTAGGAGGGAGACAC
 TGGCCCCCTCAAATCGTCCAGCGACCTTCCTCATCCACCCCATCCCTCCCCAGTTCATTGC
 ACTTTGATTAGCAGCGGAACAAGGAGTCAGACATTTTAAGATGGTGGCAGTAGAGGCTAT
 GGACAGGGCATGCCACGTGGGCTCATATGGGGCTGGGAGTAGTTGTCTTTCCTGGCACTA
 ACGTTGAGCCCCCTGGAGGCACTGAAGTGCTTAGTGTACTTGGAGTATTGGGGTCTGACCC
 CAAACACCTTCCAGCTCCTGTAACATACTGGCCTGGACTGTTTTCTCTCGGCTCCCCATG
 TGTCTGGTTCCCGTTTCTCCACCTAGACTGTAAACCTCTCGAGGGCAGGGACCACACCC
 TGTACTGTTCTGTGTCTTTACAGCTCCTCCCACAATGCTGAATATACAGCAGGTGCTCA
 ATAAATGATTCTTAGTGACTTTAAAAAAAAAAAA

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1185 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50:

ACCATAGATTTATTTTAAAAGGGGAAATCTCACACATAATTAAGCAGTGGAATGTGCT
 CAATGCTATGGTGCCTCAGGCCCTCTGTCTACCAGGTTTCTCCCGCTTTCTGCAGAGCTG
 TGGACCCTGTACGTACCAAACAGGTGAACCTGGTCCATCTTTCCTTCTTCTTTTGGC
 ACATTTGCATTTATATCTTCTGTACTAAAAGAAACAAATTATTTATAATTGGGGTGACA
 ATATAAAGGAACAAAAGATGGGGCAATAGTTGCTTCCTAGCTGGAGCTGTAAGTCCATGT
 TACAGAACTCACTATTTAAAAGTTTTAAAAGATTTATGAACCTTGTCTACAATTGCG
 TGAATACTTATTTGTCTTTTAACTCCCCCTCGGTGTATGGATCATCTTCGTCAGAATGCC
 GTTGTTTTCAATTGTGAATCAGGGGAAATGTTAATCATTTGGAGACTGTTTTCTTATTACC
 AAATGTACAATCCATAAGACAACCTGAAAGCAACAACCTGCTGGGTTCACTGACAAAGATTA
 TAAAAATCATCACGTTCAAAGTAGAGTTTTTAGCCAAGGTCAAGAATAACCTGGGGCTG
 AGTCAGCGTCTCTACCCACTTAAATAACAGCGTAAAGATCTTTCATAAATTCGTTATGT
 GGTCTGTCTGGATGTAAACCTATATATTTCTTTTGAACAGAATCATATCCTGCAGACT
 CTTGGCACTCCTGCATAGCTTTGACCGAATGTTCACTCTCATCGTAATGGAAGATTTCTA
 TCTATGCAGATAATACATGTTTTTAAATACTGTTTTCTGTTTAGTCTCAATCTTCCTAA
 CTCAAATTGGGGACTGAGGAGAGAGAAAGGTGGTTACCCCTGTTACCGTGCCATATTCTT
 CTTGCTGCTTTTCAACCCACGTGATTGTTGATTGACGGTTCTGCTATAATGTGCGTGCC
 CTTCAAGTTTCAGAAAACCTTCCCAATCATTTCACTTCAATCTTAATTGAACCCAAGAGT
 CAAAGTTATATTTTCTCCGAACGTGTTTGTGATCTTCTGTTATATTTGGGGCATGTTA
 CCTTTATGGTATATAAGCTGTAGTGCATACTCTTGTATTGCAAAAACCTGGTCAGTAAT
 TTATGTACATGTATTCCACATTTTAGTGTGCTTGAAGTGACAATC

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1027 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:51:

GGGAGAAGGAGGAGGCCGGGGGAAGGAGGAGACAGGAGGAGGAGGGACCACGGGGTGGAG
GGGAGATAGACCCAGCCAGAGCTCTGAGTGGTTTCCTGTTGCCTGTCTCTAAACCCCTC
CACATTCCC CGGTCCTTCAGACTGCCCCGAGAGCGCGCTCTGCCTGCCGCCTGCCTGCC
TGCCACTGAGGGTTCCCAGCACCATGAGGGCCTGGATCTTCTTTCTCCTTTGCCTGGCCG
GGAGGGCCTTGGCAGCCCCCTCAGCAAGAAGCCCTGCCTGATGAGACAGAGGTGGTGGAAG
AAACTGTGGCAGAGGTGACTGAGGTATCTGTGGGAGCTAATCCTGTCCAGGTGGAAGTAG
GAGAATTTGATGATGGTGCAGAGGAAACCGAAGAGGAGGTGGTGGCGGAAAATCCCTGCC
AGAACCACCACTGCAAAACACGGCAAGGTGTGCGAGCTGGATGAGAACAACACCCCCATGT
GCGTGTGCCAGGACCCACACAGCTGCCCCAGCCCCCATTTGGCGAGTTTGAGAAGGTGTGCA
GCAATGACAACAAGACCTTCGACTCTTCCTGCCACTTCTTTGCCACAAAGTGCACCCTGG
AGGGCACCAAGAAGGGCCACAAGCTCCACCTGGACTACATCGGGCCTTGCAAATACATCC
CCCCTTGCTGGACTCTGAGCTGACCGAATTCCCCCTGCGCATGCGGGACTGGCTCAAGA
ACGTCCTGGTCACCCTGTATGAGAGGGATGAGGACAACAACCTTCTGACTGAGAAGCAGA
AGCTGCGGGTGAAGAAGATCCATGAGAATGAGAAGCGCCTGGAGGCAGGAGACACCCCG
TGGAGCTGCTGGCCCGGGACTTCGAGAAGAATAACATGTACATCTTCCCTGTACACT
GGCAGTTCGGCCAGCTGGACCAGCACCCCATTTACGGGTACCTCTCCACACCGAGCTGG
CTCCACTGCGTGCTCCCCTCATCCCCATGGAGCATTGCACCACCCGGTTTTTTCGAGACCG

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 984 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52:

ATCACTCTTTCTCAGCTCGACTGGAGTTTCTGCACCTTTGCAGGGGCAAAGTAAGTCCCT
GCACCCCTGAACCACCCCCCATTCCTGTTTCATTTTCAGCAGATAATGATGGAGGGGGGGGGG
TGTCCATCGTGCTGAGGGTGTGACCGCAAGAGGGTGAAAACCTCCAGCCAACTTTCTCAG
TCCTTTCTCTTGCGAGAGGGAAGCCACCTGCTATACAACTAATACCCCTGCCTTGACC
CCTTCCCCACGACTCAGTTGACAGAAGGATATACTTTGTTATACTTATTATTTTGTCT
CTGTAAATACAAGATGTTTATAGGAAATATGTATTCTGAACTCTATCTGCAGAATGAGTC
ACTACACCAAATAGTTCTATTATTTAGAATGTGTTAATTTTAAAGGGACCTGATAGGTA
TTTATTTACATATGCGATCCACATTTGTGTGAAAGCATGTGATCATACTAACCCAGCCTC
CTGGAATGTCGCTGTACGATGATTGATGTCTTTTCTCAGTCCATAGTTACAATTGTTTA
GTATGCTAATCAGTCCAGTTCCCTGAGGTTTAAAGATCAAATATAAATTACTCTGCTTTTC
GACTCATTACAGGTAGCATTGTACCTGAACCTGATTGCTACTTTTTCATCTTAAATATTAT
ATTTCTCATCTAATCTGCCTTCCCCTCATCCACAGACATTTGGAGAAGGAAATGGGAGG
GTGTCTGTTATCCCTTTCTCTTTGCTTTGTCCCGTTGTTAGACTGGCAGCGTCAGTTGC
TCGGTGGGCTTGGTTAGAGCCGTGGGTGAGGCAGGTGGCTGGCGGGGACAGGGAGAGGCT
GAGAGGGAAGTGGTGGCATTTACTGCTCTGACACTTCCACTGTCCCTGCTGGGGATGCTG
GGGCCAAGGCCTGTGGGCCTGTGAACTGCACAGCCAGGAGCAAGGAACCCACTAAATAC

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 621 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53:

ATGTTTTTTCATTTTTTTCATGTTATCTATCCAAGCACTGTTCCATGGTCAGCAAGTCATA

TTTCATAATGTGGATTTTCCAAAATAATTATTGAATACAGCTATTCTATGGCTACTTTTA
 GTGTTTTTGTGGTATGTGGTGTGGGAGTGTATGGAATTACCAGTATCTTAAATTTTCA
 AAGGAACCTTGGGAAGTCTATCACTCTAAATGAAAGTCTGTCACTCTACATGAATTATGTG
 5 CTCAAATTTGACCAACTCAGTTTAAAGACACAAAACAGTAATTTGAAGAAGGAAAAATGAA
 GAGAGTTTCTAGTTTAAATGGGTTAAATTTTTGTTGTTGCAATAGTAAGTTTAGTCTTCTT
 ATAATATTTCTAAATGAAAAATCATAGGTATTTGTTACCATGTGTGAAGATTACTTTTGT
 AAAAGCAAAAGTGGTCTGTGATATGCTAAATGTTAATTACTGATTTTATATGTTTAAAT
 10 CACGCCAAACAAATTATGTCTGTGCCATCCAGGGTCTGTTGTTAATCTTTTTCTGAGTAC
 TTGGATTGGGATAAAGGGCTTGTACTATGCACTTTTTTATTAATGAATAAATAGAAAACGT
 TAGTAACAAAAA

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1128 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 54:

GATTTTTATCTAGAACTATATTTACTTAAACCCCCCTCAGGAAAGAGGTTTTTAAATCA
 AAGATGGGAAAATCGGAGAAAATTGCCCTTCCCCATGGCCAGCTTGTTTCATGGTATACAC
 45 TTGTATGAGCAACCAAGATAAACAGACAGAAAAGCAAATATAACTTGCCACTAACCAAG
 ATCACCTCTGCAAAAAGAAATGAAAACAACCTTTTGGCAGGATTCTGTTTCATCTGACAGA
 ATTCAGAAGCAGGAAAAAAGCCTTTTAAAAATACCGAGAACATTAAAAATTCGCATTTG
 AAGAAATCAGCATTTCTAACTGAAGTGAGCCAAAAGGAAAATTATGCTGGGGCAAAGTTT
 50 AGTGATCCACCTTCTCCTAGTGTTCTTCCAAAGCCTCCTAGTCACTGGATGGGAAGCACT
 GTTGAAAATTCCAACCAAAACAGGGAGCTGATGGCAGTACACTTAAAAACGCTCCTCAA
 GTTCAAACCTTAGATTTTCAGATTTTCAGTATGTGTGTAACATAATTTTTCCCATATCCCT
 GGACTCTTGAGAAAATTGGTACAGAAATGGAATTTGCCTTGTTGCAACATACAATTGCA
 55 AAAGATGAGTTTAAAAAATTACATACAAACAGCTTGATTATATTTTATATTTTGTAAAT
 ACTGTATACCATGTATTATGTGTATATTGTTCACTTGAGAGGTATATTATAGTTTTGT
 TATGAAAGTATGTATTTTGCCCTGCCACATTGCAGGTGTTTTGTATATATACAATGGAT
 AAATTTTAAAGTGTGTGCTAAGGCACATGGAAGACCGATTTTATTGCAACAGGTACTGAG
 ATTTTTTTCAAGAAACAGCTGTCAAATCTCAAGGTGAAGATCTAAATGTGAACAGTTTAC
 60 TAATGCACTACTGAAGTTTAAATCTGTGGCACAATCAATGTAAGCATGGGGTTTGTCT
 CTAAATTGATTTGTAATCTGAAATTACTGAACAACTCCTATTCCCATTTTTGCTAAACTC
 AATTTCTGGTTTTGGTATATATCCATTCCAGCTTAATGCCTCTAATTTTAAATGCCAACAA
 AATTGGTTGTAATCAAATTTTAAATAATAATAATTGGGGCCCCCCT

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1121 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55:

TCCCTTTATTACTATGGCATCAGAGATTTGGCTACTGTTTTCTTCTACATGCTAGTGGCG
ATAATTATTCATGCCGTAATTCAAGAGTATATGTTGGATAAAATTAACAGGCGAATGCAC
TTCTCCAAAACAAAACACAGCAAGTTTAATGAATCTGGTCAGCTTAGTGCGTTCTACCTT
TTTGCCTGTGTTTGGGGCACATTCATTCTCATCTCTGAAAACCTACATCTCAGACCCCACT
ATCTTATGGAGGGCTTATCCCCATAACCTGATGACATTTCAAATGAAGTTTTTCTACATA
TCACAGCTGGCTTACTGGCTTCATGCTTTTCCTGAACTCTACTTCCAGAAAACCAAAAAA
GAAGATATTCCTCGTCAGCTTGTCTACATTGGTCTTTACCTCTTCCACATTGCTGGAGCT
TACCTTTTGAACCTGAATCATCTAGGACTTGTCTTCTGGTGCTACATTATTTTGTGAA
TTTCTTTTCCACATTTCCCGCCTGTTTTATTTTAGCAATGAAAAGTATCAGAAAGGATTT
TCTCTGTGGGCAGTTCTTTTTGTTTTGGGAAGACTTCTGACTTTAATTCTTTCAGTACTG
ACTGTTGGTTTTGGCCTTGCAAGAGCAGAAAATCAGAAGCTGGATTTTCAGTACTGGAAAC
TTCAATGTGTTAGCTGTTAGAATCGCTGTTCTGGCATCCATTTGCGTTACTCAGGCATTT
ATGATGTGGAAGTTCATTAATTTTCAGCTTCGAAGGTGGAGGGAACATTCTGCTTTTCAG
GCACCAGCTGTGAAGAAGAAACCAACAGTAACTAAAGGCAGATCTTCTAAAAAAGGAACA
GAAAATGGTGTGAATGGAACATTAACCTCAAATGTAGCAGACTCTCCCCGGAATAAAAAA
GAGAAATCTTCATAATGAATTATAAACTAATTGATTAATGTCCCCAAAGAAATCTGCTTT
CTACTATATCTTTTCAGCATTAGAGATTTTTCTGTTCTTGAAAATACAGTCTGTGCTCTTT
GATTTTTGCTATTTGTACGGTTTCATGCATTTTTTTAAAGGGCATTGAGGGGAGGATTATT
GCTATGAATGAAAAAATATTTTAGCTTAGACTAAGCTAC

30

35

40

45

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 876 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

60

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

65

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56:

CACACTGAGGGTTTTTAACACCATTTCTCCCCACTTCTCTCCTGGGTGACATAAGAGAGA
AATAACCTGTAGTACAGCAGCTAAAGTATTCTCCTTTCAGAGAATTTTTTTGGAGGTCTC
TAATATATATTTCCCCCTTGTCTCTGTGATCTCTTATTTATACTATATTATTGTCCCATG
TACTTTCTAAACTGAGCTTGGAACATTTAGTATTCTTGCAATTGGACTTCCCACTTAACA
ATTATACAGACTTTTGCTTTTAGAAATAGATTAGGTTCCAAACAGAAAGTTCAAGTGTAAC
AACACAATAAAAAATAGATTATGAAACAGGCTATAATTGGCTCTTTTGGATTTGATAGGG
GCAAGATGAAAGGCAACTTTCTTGCTTTTGAAATCATGTTGGGTAAGAGGTAAGGAATCC
AGCTACAATTTTATTAGTGCTTGAAACGGGCTTCCTTGAATTCTCCAGGCCCTATCATTT
TTTTTTTTCTTACTAATCAGAAGAGAGCTGGGGTAGAAGCCCCATGTTTGTATTCCATGA
AACACGTCGGGTTGGAGTAAAGGCAAAACAGCTAGACACACCAGGTGTGTCTGTTTGAC
ATTTATAAGCTGGCACTCATCAACACTCCTGTTTCTCCTTTCTCTGGGACGTGTGGATTA
AGGGGTGTGAGTTGTGGGAAGAATTGCCCTCGTACCTCCTGGATTTATTATTTTTCTCAA
ATACCAACCAGTAAGATCCCAAATAACTTGAGAAAAATTGTTTCCTGATCTGTCCACTTC
TG GTGTCAAAGATTTTACTCATCTTCTTAGTACATTCTATGTATTTTATATGTATAATTT
TATACAATTAAAAATAGATTTTTGTCTAGTGAAAAA

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1328 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 57:

GTCGGGGAGCGCGGGGCCGGGGCCAGGGGACCCCGGGCCACGGAGAGCGGGAAGAGGAT
GGATTGCCCGGCCCTCCCCCGGATGGAAGAAGGAGGAAGTGATCCGAAAATCTGGGCT
AAGTGCTGGCAAGAGCGATGTCTACTTTCAGTCCAAGTGGTAAGAAGTTCAGAAGCAA

GCCTCAGTTGGCAAGGTACCTGGGAAATACTGTTGATCTCAGCAGTTTTGACTTCAGAAC
 TGGAAAGATGATGCCTAGTAAATTACAGAAGAACAAACAGAGACTGCGAAACGATCCTCT
 CAATCAAAAATAAGGGTAAACCAGACTTGAATACAACATTGCCAATTAGACAAACAGCATC
 AATTTTCAAACAACCGGTAACCAAAGTCACAAATCATCCTAGTAATAAAGTGAAATCAGA
 CCCACAACGAATGAATGAACAGCCACGTCAGCTTTTCTGGGAGAAGAGGCTACAAGGACT
 TAGTGCATCAGATGTAACAGAACAAATTATAAAAACCATGGAAC TACCCAAAGGTCTTCA
 AGGAGTTGGTCCAGGTAGCAATGATGAGACCCTTTTATCTGCTGTTGCCAGTGCTTTGCA
 CACAAGCTCTGCGCCAATCACAGGGCAAGTCTCCGCTGCTGTGGAAAAGAACCCTGCTGT
 TTGGCTTAACACATCTCAACCCCTCTGCAAAGCTTTTATTGTACAGATGAAGACATCAG
 GAAACAGGAAGAGCGAGTACAGCAAGTACGCAAGAAATTGGAAGAAGCACTGATGGCAGA
 CATCTTGTCGCGAGCTGCTGATACAGAAGAGATGGATATTGAAATGGACAGTGGAGATGA
 AGCCTAAGAATATGATCAGGTAAC TTTGACCGACTTTCCCCAAGAGAAAATTCC TAGAA
 ATTGAACAAAAATGTTTCCACTGGCTTTTGCCTGTAAGAAAAAAAATGTACCCGAGCACA
 TAGAGCTTTTAAATAGCACTAACCAATGCCTTTT TAGATGTATTTT GATGTATATATCT
 ATTATTCAAAAAATCATGTTTATTTTGAGTCTTAGGACTTAAATTAGTCTTTTGTAAATA
 TCAAGCAGGACCTAAGATGAAGCTGAGCTTTT GATGCCAGGTGCAATCTACTGGAAATG
 TAGCACTTACGTAAAACATTTGTTTCCCCCACAGTTTTAATAAGAACAGATCAGGAATTC
 TAAATAAATTTCCCAGTTAAAGATTATTGTGACTTCACTGTATATAAACATATTTTATA
 CTTTATTGAAAGGGGACACCTGTACATTCTTCCATCATCACTGTAAAGACAAATAAATGA
 TTATATTC

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 697 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58:

gtaggcgctagtctgggcgagaggtttctgggagccaagagtggtaaatggcgtctgtat
 gatcttcggagcctgctgcatcggaacctcgccagtcataaaagatgacaacagcagcca
 ggccaacctttgaacctgccagaggtggaaggggaaaaggagaaggtgatttgagccaac
 tttcaaagcagatttcaagcagagacctacctctcatataaaagataaaaatacagacaga
 ctactcaggatgccccctgaagaggttcgtaaccgtgacttcaggagagaggttggagaaa
 gagagagagctgctgcaagagagaaaaatagggatcgtccaacctcgagaacatacaacct
 cctcttcagtgctcaaaaaagccacggttagaccagattcctgcccgaaccttgatgcag
 atgacctcttaacagatgaggaagatgaagattttgaagaagaaagtgatgatgatgata
 ctgcagctcttcttgcaagaactggaaaaaattaaaaaagaaagagctgaaaagggccaag
 gccaggggaagggaccaagggccaaaaaagctttaagggggggaaggggttctgttttggg
 aaaacattgggtgggcggaacctttccctttaatcttgagcttggccccattccaagc
 ttaaggccgactttgaaaagtttgaaaggaggggtggg

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1389 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59:

cgaagaatagaattggccaggacctaggttctcatattcttgggtattcctcctggatgga
 aaggctgttggcatcaataggggacagaggctgatgctggagtgccagtagagggtggtg
 gagcagagcagccatcttttaagtggggctgtatcaggctgggtttatttaaaagcaaca
 aaatgttttgggttaagaaaattattttgccttcagtgtaaatcttcgcagtggttctaacc
 aaagtccagtcttctgctcgccttctccctcactgatgtctgcacttggttgaggctctc
 ctggagcctcacaggctctgctgttctccacttctcacctgccatccacgccttgcaagc
 tcatgcaaacaccccttcttctcctcctgcggcagagttgttcaggttgctgggcaggggc
 ttaaacagtgccagccctgccatcccaaagctattgttaagccccccaggcgctcctcca
 ccacgcccactagcctgccatgtccacagttccttgggctgctgaggggctagtgcagt
 ggtcctgacctctcttatcaagagcacacttcttggctggttgctccttttgagcatatg
 cgtgtgattatttggaacagtttagacttgccacgttgggtcagtttttagaaattgtttct
 agctagagggactggtgtccttccaagtctagcatttggggtatggaaaattgttgggt
 gtgtggtaggggtttttgttttcttttttgagtttttttcccccttttagtctcctggctt
 tttcctttcccttcccttctccactggccnagcttgggcctcatcctcatgtcatccttc
 taggaaggcgctgccccatcttgtctgcggcagcatgcacccaaggccagagctcagg
 cctgcagactgggctggtgcctcctccgcttcagggtatgggagttggtgaaggggcttt
 caaaaaataataagaaaaaaaaaggtaaagtctttggtagcttctatccactcagatcctg
 gaaggcagcaagggttttgtggatctagattcattaggaatgtcttcttgtcagccaggcc
 aggaccgggcttgccaagagcagaggccctccagcaaccaggataaccaccactttggg
 ggctttgtgtacagaggtccgggtctgagacctcataggctgcagaaatctggggcagcc
 accatcaagaagccccctcaggggcccagaactcctttgccagcgtggatttctcaagtc
 gggactgcataattaaagcagttgcagtttttttttttacagctttttttcccaaaaat
 gatttgtagttgtgtgtgcagcacttcgcctgatatgtgtgctctacaataaaaaccaa
 atctaatat

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 535 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:60:

tgtattgaggtaataaattgttttactgacaatttttccctttttctacactaaaacaata
tgtgatataatttccctcttgaagaggcaattcattaaactctcaaattttctatagaat
caagatagaaccttttagatactccaactcaccaaaatgtaaaaaaactaacaaaaatatt
tggtcttcaataatgctaaatatctacatttttagaatttatcaacatttaactagataa
ttgggcatgtcttaattatgcatgtacttatccatactaataaaattgacaatgctagt
catacttattgggttagtcctattatcaggatataatcatctgtgaggaggatattttaa
atactgtaaatgataacagttaatgatatacacatttagactgagttgcacactggcagg
gagacaaaaaacattacttccatacttgtgtcatgattcttttttttgagagagtctc
actctgtcgcaggctgggagtagtgatctcggtcactgcaacctct

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1097 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:61 :

GTGATTTGACATTTGAACAAATTAGGAAGCTGAATCCTGCAGCAAACACAGACTCAGGA
 ATGATTTCCCTGATGAAAAGATCCCTACCCTAAGGGAAGCTGTTGCAGAGTGCCTAAACC
 ATAACCTCACAATCTTCTTTGATGTCAAAGGCCATGCACACAAGGCTACTGAGGCTCTAA
 5 AGAAAATGTATATGGAATTTCTCTCAACTGTATAATAAGTGTGGTCTGTTCTTTCTTGC
 CAGAAGTTATCTACAAGATGAGACAAACAGATCGGGATGTAATAACAGCATTAACTCACA
 GACCTTGGAGCCTAAGCCATACAGGAGATGGGAAACCACGCTATGATACTTTCTGGAAAC
 ATTTTATATTTGTTATGATGGACATTTTGCTCGATTGGAGCATGCATAATATCTTGTGGT
 10 ACCTGTGTGGAATTTTCAGCTTTCTCATGCAAAAGGATTTTGTATCCCCGGCCTACTTGA
 AGAAGTGGTCAGCTAAAGGAATCCAGGTGTTGGTTGGACTGTTAATACCTTTGATGAAA
 AGAGTTACTACGAATCCCATCTTGGTTCCAGCTATATCACTGACAGCATGGTAGAAGACT
 GCGAACCTCACTTCTAGACTTTACGGTGGGACGAAACGGGTTTCAGAAACTGCCAGGGGC
 CTCATACAGGGATATCAAAATACCCTTTGTGCTAGCCCAGGCCCTGGGGAATCAGGTGAC
 15 TCACACAAATGCAATAGTTGGTCACTGCATTTTTACCTGAACCAAAGCTAAACCCGGTGT
 TGCCACCATGCACCATGGCATGCCAGATTCAACACTGTTGCTCTTGAAAATCTGGGTCT
 GAAAAACGCACAAGAGCCCCCTGCCCTGCCCTAGCTGAGGCACACAGGGAGACCCAGTGA
 GGATAAGCACAGATTGAATTGTACAATTTGCAGATGCAGATGTAAATGCATGGGACATGC
 20 ATGATAACTCAGAGTTGACATTTTAAACTTGCCACACTTATTTCAAATATTTGTACTCA
 GCTATGTTAACATGTACTGTAGACATCAAACCTTGTGGCCATACTAATAAAATTAATAAAA
 GGAGCACTAAAGGAAAA

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1860 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:62:

TAAGATCCTGACTCTGAAGCTTCAAAGTGACACTGTGGAAATCTGAAACGAGGGGATGTC
 ATGAAGGCAGCTTTTCTTTTCTGAGGAAAAAATAGGCATGGGCTACAGGACTATTTAAA
 ATGTCTCATTTACAGTATAAACTCAAAGGTAGATGTAATTTTTACACCTATGAGTATTT
 60 GTCCAATTTCTGTCTCTTCTCACCATTGGGTATCTATTCTTTATATGTAAATAAGATAA
 GGTCACTCTGATAGCCTTATTCAGTCTTCATCATTTTTCATCATTTGTTCTATGTAGATTAT
 TGGACATTTATTGTAGCACTACATAACTGATTATAAAAATCTGTAAATGAATTAGCACTT
 TCATATTGAAACAAGCCTGCTAGCCTATGTATAAAATAGCAAAATGTTTGGCTGTTTATAA
 65 AAAGATGTAATGGGGTGGGGGGCAGGGGTAATTTCAAGTTATTAATTTAAAAATGAACATA
 GCAATTTTGTACCTGGTGACTTTGTGGTGCACCTCTGATAGTGACTTGAATTCGGT
 ATGTAAAAAGGGGTTAGTGGTATTTCAATTGCTGCTAAAAATGACAACTCCCTCTGTGTCC

TGTTTTTCTTAAAGCTGTCAGTGTACAAGTGGGTATTTGAATACCAGACCTTACTGTAAA
 AAATAAAAAAGGTGGTATCTAGAGCATGTAAATTGGATATAAAGTTCTGCTCTTAAAGAG
 TTGATCTAAGAGTATGGCTAAACATCTATATATGCAATCTATTAAAGAAGCTTAATTCGG
 CTATTATGTCTTGATTGATTGCAGTTTTTTCCTAATTATAACAAATTTTTCTCATTGG
 CCTGTTTTTAATCCTGTGCCTAGAAGGAGTACAAATGCACACTTTACAAAATTGATATT
 TAACACTTACCCACTCCCCTTTCCCATCTCTTCTACCGCTCTTGTTGATCGTGATCTCT
 GATCTTGACTAGATAGGCTGAAGGCACATGGTTCCCTCCAAAACCACATTGATACCAC
 TACAAAACAAGCCAGCAAAAAGATACTGTAGAGAGGTTGGCTTGCTTCCCTCTCTTCCT
 AACTGCATGTTGAAAAATAAGCCGTTATTGATCTTAAACATCGGTCAGATGAGTCATACA
 TTGGGTTATTTTTTATATACATGTATACACAAAATATTTCAAATTGAAAGCAACATCTTA
 ATGGATTCAAACTATTACAAGCTGTTGTCTAAAACAGGTGAGAAAAAAATTTATAACTG
 TAAAAACAAATGCACATATTGATATTTAAAATGCGTAATTAAGAAAACCCATTGTTGTTG
 TGTTTTTCTTGATACCAATAATTAAGCCACTACTGTTGGCACTGTTTGGTTTTCTATTT
 TAACACTGAAGGAGTGAAAGTATTTCTATATTTATGAATTTACTACTAAAATCTTGGCA
 AAAAAAGAAAAAATTGTCTAACGTGTGTGGGTGAAAACGTTAATCAAGTGTTTCTACT
 CCCCCCGAAAATCCCCTGAAAGTTGGACACCAACTGTATACCCTAGGTTGCTTAAAGGG
 ATTTCACTATTATATAAAGTCAATAAAAAATGAAGTAGTTGTATATATGCAACATTGTGTA
 CAGAGGGGAAATAATGAATAGTATTAAAGAAACATTCTCGTCTTCCCTTACCTTTAATCC
 CCTAATACCTAGTCTACTTTTTAAATTTTCAGACTTCACTGCTTTTTGAATTCATAATTC
 TAATTTTCACATTATTGTTAATGGAAAATCATATCTAATAAAGGTTTTAGTTATTCCCAT
 GCACAGTATGAAAATTTCTCATTTGCTGAGGTTTTGTTTCAAGAAAATGTATTGGCATGT

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:63:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 535 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 63:

CTGGGCCGTCCCCAGGCTCGAGCTCTCTACAACCCTCTCTCCTCAGCGCTTCTTCTTTCT
 TGGTTTGTATCCTGACTGCTGTCATGGCGTGCCCTCTGGAGAAGGCCCTGGATGTGATGGT
 GTCCACCTTCCACAAGTACTCGGGCAAAGAGGGTGACAAGTTCAAGCTCAACAAGTCAGA
 ACTAAAGGAGCTGCTGACCCGGGAGCTGCCAGCTTCTTGGGGAAAAGGACAGATGAAGC
 TGCTTTCCAGAAGCTGATGAGCAACTTGGACAGCAACAGGGACAACGAGGTGGACTTCCA
 AGAGTACTGTGTCTTCTGTCCTGCATCGCCATGATGTGTAACGAATCTTTGAAGGCTT
 CCCAGATAAGCAGCCCAGGAAGAAATGAAAACCTCTCTGATGTGGTTGGGGGGTCTGCCA
 GCTGGGGCCCTCCCTGTGCGCCAGTGGGCACTTTTTTTTTTCCACCCTGGCTCCTTCAGAC
 ACGTGCTTGATGCTGAGCAAGTTCAATAAAGATTCTTGGAAGTTTTAAAAA

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:64:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1059 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 64:

ggcgggtcccaggcaggcccagaagctgggcagcctctgccgggttccgggaaaaggagct
 cctgctgccactgctcttccggagcctgcagcatggggccctgccgcgcaccgtggagc
 tcttctatgacgtgctgtccccctactcctggctgggcttcgagatcctgtgccggtatc
 agaatatctggaacatcaacctgcagttgcggcccagcctcataacagggatcatgaaag
 acagtggaaacaagcctccaggtctgcttccccgcaaaggactatacatggcaaataact
 taaagctcctgagacaccatctccagattcccatccacttccccaaggatttctgtctg
 tgatgcttgaaaaaggaagtgtgtctgccatgcgtttcctcaccgccgtgaacttggagc
 atccagagatgctggagaaagcgtcccgaggagctgtggatgcgcgtctggtcaaggaaatg
 aagacatcaccgagccgcagagcatcctggcggtgcagagaaggctggtatgtctgcag
 aacaagcccagggaacttctggaaaagatcgcaacgccaagggtgaagaaccagctcaagg
 agaccactgaggcagcctgcagatacgagccttgggctgcccatcaccgtggcccatg
 tggatggccaaacccacatgttatgttggctctgaccgatggagctgctggcgcacctgc
 tgggagagaagtggatgggcccatacctccagccgtgaatgccagactttaagattgcc
 cggaggaagcaaactcttcgtataaaaaaagcaggccatctgcttaacccttggctccac
 cataaggcactgggactcggatttctctatctgatagaggtatcttctgtggccctggga
 gctgtctgtcttccccctaccccccaaggatgccaggaagacgtccaccattagccatgtg
 gcaacctttacttctatgcctcacaagtgcctttcagagagccccaattctgctttccca
 caaataaaacctaataccatcaggcaaaacaaaaaaaaa

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:

- (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 65

5

MQKVTGLGLLV FLAGFPVLDA NDLEDKNSPF YYDWHSLQVG GLICAGVLCA MGIIIVMSAK 60
CKCKFGQKSG HHPGETPPLI TPGSAQS 87

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

(A) LÄNGE: 205 Aminosäuren

15

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 66

30

CRTWSILRGR MWLSTNSAAD AINPWPGRSS RPRSRAAVPH RLLHLPPVCA ELQGQQFYSL 60
EGAPYCEGCVY TDTLEKCNCT GEPITDRMLR ATGKAYHPHC FTCVVCARPL EGTSFIVDQA120
NRPHCVPDYH KQYAPRCVSC SEPIMPEPGR DETVRVVALD KNFHMKCYKC EDCGKPLSIE180
ADDNGCFPLD GHVLCRKCHT ARAQT 205

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

(A) LÄNGE: 150 Aminosäuren

40

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 67

55

AARALKRFPF SGPPLRDRSP SLESQSRKTP RLPEDLASGK KDYTFQRPLR RRDRKRRASR 60
VSLRVDPSPDH GPGGVVADEV PHQGKCGWGR RLPGVVRPGAA GAQRQEPGSP TEGWGGGPPR120
HVPVQPVVRS ADRPADTPAP SPSKDLLSHP 150

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

65

(A) LÄNGE: 55 Aminosäuren

(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 68

LLECRHHDGD VSSVGGPLQG PRVLQGGGLGV CEGAHQVASQ QGRLPRPERA GLPLT 55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

(A) LÄNGE: 182 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 69

SVHFPAALRC ETAALLWSLR AARHHDSQRT LRRARKTTPS RGLCGAATGS GGRAECPCAW 60
IRATMVARVW SLMRFLIKGS VAGGAVYLVY DQELLGPSDK SQAALQKAGE VVPPAMYQFS120
QYVCQQTGLQ IPQLPAPPKI YFPIRDWNA GIMTVMSALS VAPSKAREYS KEGWEYVKAR180
TK 182

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

(A) LÄNGE: 25 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 70

PEDSGLGPHS EGRPPDCRPN KGLQK

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:

- (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71

DEKNTSFLYS DVGATSMKSV LYESYTKMGR HLVNCARYLK CMFRKAFYQL RNMTYF 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

- (A) LÄNGE: 117 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72

MALETVPKDL RHLRACLLCS LVKTIDQFEY DGCDNCDAYL QMKGNREMVY DCTSSSFDGI 60
IAMMSPEDSW VSKWQRVSNF KPGVYAVSVT GRLPQGIVRE LKSRGVAYKS RDTAIKT 117

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:

- (A) LÄNGE: 291 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73

LERLVDIKKG NTLLLOHLKR IISDLCKLYN LPQHPDVEML DQPLPAEQCT QEDVSSSEDED 60
 EEMPEDTEDL DHYEMKEEEP AEGKKSEDDG IGKENLAILE KIKKNQRQDY LNGAVSGSVQ120
 10 ATDRLMKELR DIYRSQSFKG GNYAVELVND SLYDWNVKLL KVDQDSALHN DLQILKEKEG180
 ADFILLNFSF KDNFPFDPPF VRVVSFVLSG GYVLGGGAIC MELLTKQGSW SAYSIESVIM240
 QISATLVKGG ARVQFGANKS QYSLTRAQQS YKSLVQIHEK NGWYTPPKED G 291

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

(A) LÄNGE: 253 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74

RSVVRRCLKM AAEEPQQQKQ EPLGSDSEGV NCLAYDEAIM AQQDRIQQEI AVQNPLVSER 60
 LELSVLYKEY AEDDNIYQQK IKDLHKKYSY IRKTRPDGNC FYRAFGFSLH EALLDDSKEL120
 QRFKAVSAKS KEDLVSQGFT EFTIEDFHNT FMDLIEQVEK QTSVADLLAS FNDQSTSDYL180
 40 VVYLRLLTSG YLQRESKFFE HFIEGGRTVK EFCQQEVEPM CKESDHIHII ALAQALSVSI240
 QVEYMDRGE G 253

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

(A) LÄNGE: 108 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 75

65 EKFLNMGAPL GVGLGLVFSV SIGIYVSSTY PPVAGATLYS VAMYGGGLVLF SMFLLYDTQK 60
 VIKRAEVSPM YGVQKYDPIN SMLSIYMDTL NIFMRVATML ATGGNRKK 108

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

- (A) LÄNGE: 21 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76

20

SDSASGFSAT SNILFNGADM H

21

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77:

25

- (A) LÄNGE: 45 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 77

SLEDKKHVII FKCSGNVMPQ VCLFFWRINA VILSQISTHI FNSHV

45 45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

- (A) LÄNGE: 20 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55

(iii) HYPOTHETISCH: ja

60

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78

65

SLCHENVSLF STLKFSRFTE

20

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

- (A) LÄNGE: 28 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
10 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
20 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79

LKFSKPVFAY FFGVQNIVIN VISDLELW

28

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

- (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
35 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 80

50 ETSGYLETSG HCYIHLNLT KLFILKQAV MHSPAVASQC SLSNIDVVMF DLYRMLIIQR 60
ILDGIIYVCF TFECYKRK 78

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

- (A) LÄNGE: 39 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
60 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81

NMLLFPEYKQ YTHEKKMFFY FCIFIELSN
39

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

(A) LÄNGE: 164 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82

MHRDSCPLDC KVVVGNLGN GNKTELERAF GYYGPLRSVW VARNPPGFAF VEFEDPRDAA 60
DAVRELDGRT LCGCRVRVEL SNGEKRSRNR GPPPSWGRRP RDDYRRRSPP PRRRSPPRRS
FSRSRSRSL S RDRRRERSLS RERNHKPSRS FSRSRSRRS NERK 164

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

(A) LÄNGE: 138 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83

EAALTLCHELL SSWVSLESIT LSYNGLGSNI FRLDSLRLAL SGQAGCRLRA LHLSDLFSPL 60
PILELTRAIV RALPLLRVLS IRVDHPSQRD NPGVPGNAGP PSHIIGDEEI PENCLEQLEM120
XISTGSPASP TAVLRSEGLG FSAAAVPG

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

- (A) LÄNGE: 29 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 84

ILISVNLTCF KKKFLCVRIE IYSLVCRTV

29

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

- (A) LÄNGE: 38 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85

GDHRADAFMH PLLHFLTRSY FEFGVTRIRV SLWLINKF

38

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

- (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 86

IIELSI FEEL LHKTVMTNAF YYIIFSSHAQ STRSTETCEY SAK

43

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

(A) LÄNGE: 24 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

10

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 87

25

YLVVMLNQQG QQKLVNILLN NLAH

24

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

30

(A) LÄNGE: 26 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

35

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88

YIHVFQCSNI EIILVSFIQT VLQTRE

26

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:

55

(A) LÄNGE: 54 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89

HKISKVCLLL IAKTNISHIK ACDLILHAAP FLKIKNLSFH GLNYRTFYIR RTTS 54

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

(A) LÄNGE: 145 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90

EDGADGAFYP DEIQRPVVRV PSWGLEDNVV CSQPARNF SR PDGLEDSEDS KEDENVPTAP 60
DPPSQHLRGH GTGFCFDSSF DVHKKCPLCE LMFPPNYDQS KFEEHVESHV KVCPMCSEQF120
PPDYDQQVFE RHVQTHFDQN VLNFD 145

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

(A) LÄNGE: 282 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91

DKSSACRRNG NYSDEKKDAM YWEKRRKNNE AAKRSREKRR LNDLVLENKL IALGEENATL 60
KAELLSLKLK FGLISSTAYA QEIQKLSNST AVYFQDYQTS KSNVSSFVDE HEPSMVSSSC120
ISVIKHSPQS SLSDVSEVSS VEHTQESSVQ GSCRSPENKF QIIKQEPMEL ESYTREPRDD180
RGSYTASIYQ NYMGNSFSGY SHSPPLLQVN RSSSNSPRTS ETDDGVVGKS SDGEDEQQVP240
KGPIHSPVEL KHVHATVVKV PEVNSSALPH KLRIKAKAMQ IK 282

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

(A) LÄNGE: 92 Aminosäuren

(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	5
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	10
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	15
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92	
MASLGHILVF CVGLLTMAKA ESPKEHDPFT YDYQSLQIGG LVIAGILFIL GILIVLSRRC	60
RCKFNQQQRT GEPDEEEGTF RSSIRRLSTR RR	92
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:	25
(A) LÄNGE: 140 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	30
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	35
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	40
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93	
WTGTGRGAVA IMADPDPRYP RSSIEDDFNY GSSVASATVH IRMAFLRKVY SILSLQVLLT	60
TVTSTVFLYF ESVRTFVHES PALILLFALG SLGLIFALTL NRHKYPLNLY LLFGFTLLEA	120
LTAVVVVTSM MYILSASFHT	140
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:	50
(A) LÄNGE: 66 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	55
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	60
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94

RTACWGWALP RSGGEEAVAV SGPGPVGVLL PSWLTPTPGT LAPRSRTTST MAAAWPPPPC 60
TSEWPF 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

- (A) LÄNGE: 88 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95

KLADNIYIIE VTTTATVRAS NSVNPksRYR LRGYLCLFKV NAKIKPRDPR ANSKIKAGLS 60
CTNVRTDSKY KKTVEVTVVK RTCRERML 88

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

- (A) LÄNGE: 46 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96

GDTYVCLKST QKSNPEIRGQ TAKLRQDSHV QMSVQTQSIK KLLKSL 46

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

- (A) LÄNGE: 51 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT:	5
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97	10
FFPLLLPLHT PVAGRNLGFP ESLGVPPFLP HPGGTTPRAPG LFLLLFSFWA V	51
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:	15
(A) LÄNGE: 53 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	20
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	25
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT:	30
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98	35
FFLYSFPFTP PWLEGTASAL KAWGSHPSYP TREERPGPRA CFSSCFPFGQ FDH	53
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:	40
(A) LÄNGE: 52 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	45
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	50
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	55
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99	
PLDCATFVFEV FLNFFKPRMI SPASFSSPSS QTEFKGHFSS SFWHLQPQSG IF	52
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:	65
(A) LÄNGE: 122 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100

PFSSSVSFFG TAPSCLEGG ILVCALDRYR INTCALRTGS PRFIQSAHYR KLLCQNPCKD 60
PTPGSPSSLL TSTRAVLLFF ILLFYCFCCG HYHWQSSFSP FLDIGVLSLK DSTLRLKVPK120
AA 122

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

(A) LÄNGE: 126 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101

LFFFCFLFWD CAIMFIRRLD FGVCQRQIQN KYLRLENRKS TIHTKCSLQE VAVSKSRQGP 60
NSGQPLLPA LNKGCALVFY FIILLLLLS LSLAKFLFPF PGHRGPVFKR FHSEAEAGAKS120
CLRSGL 126

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

(A) LÄNGE: 73 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102

IDFEGKERGK GQGRDTPPLP LSWAQKLGKG RERIFTFEKL LFSEWNKLGQ GAQALSSVPH 60
 TPLLRSEFIQK NIS 73

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

- (A) LÄNGE: 144 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103

25

ILRGRREGRV RVETPLPCPF PGPRSWGEGG KGFLHFLNCY FLNGTSWAKG PRPCPLSLTP 60
 LCSVHSFKKT FLEHLLCPAY ARPTS*VCVG GLYASSSVPP CPSFTGAFFG SVGGGTFCGV120
 WSGPGSPTKL SPSPVPTHLL QPPA
 144

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

35

- (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104

CRPTIFTFRP PALGEGSTTT SPLDIPLGTG MWVPLTVRPW GEPKALTSGI AMLGGGASET 60
 VGRQDILGAA PSQQGIRQGA VDGGLAQGKG TAWSGFLEIP KPHRRSHLLQ IPQRHR 116

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

- (A) LÄNGE: 22 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105

RMGKEALMSW RRDPPHTLSW WA

22

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

(A) LÄNGE: 39 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106

GRGGGRGRTG RENTMHKLET EFLYLSVQNI SKPEYCLLV
39

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

(A) LÄNGE: 59 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107

RKQMAGDDIY PGS LCQALGL KSKLNFFYVF NQIDRGGE EG EGGQGEKIPC INCLN FYI 59

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 108

GREGGLWAVG ATGRVVLGLR AGQEV RAGKS LRPPSLPQPR GPPNCPVPRV PPD?AGEELL 50
 RWLISSPPIP DSTFPLSGAG GAQGGKELDC DWSARASVGG TIG 103

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109:

25

(A) LÄNGE: 165 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 109

GAGPWEAFPD GIGRRSRRAR LPQYKRPPGG GGGGDSGRRN MAVADLALIP DVDIDSDGVF 50
 KYVLIRVHSA PRSGAPAAES KEIVRGYKWA EYHADIYDKV SGDMQKQGCD CECLGGGRIS120
 HQSQDKKIHV YGYSMAYGPA QHAISTEKIK AKYPDYEVTW ANDGY 165

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

50

(A) LÄNGE: 166 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

60

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110

5 KLYLSPRIEH ALGGSSALHI PAFPGGGCLI DYVPQVCHLL TNKVQYVIQG YHKRREYIAA 60
 FLSHFGTGUV EYDAEGFTKL TLLLMWKDFC FLVHIDLPLF FPRDQPTLTF QSVYHFTNSG120
 QLYSQAQKNY PYSPRWGNE MAKRAKAYFK TFVPQFQEAA FANGKL 166

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

- (A) LÄNGE: 33 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 15 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111

30 PSSPSLPVLR AGLRPFCVDL PGCGCVRFLC SCL

33

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

- (A) LÄNGE: 31 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112

55 ETCAGAGRCA ADGGNGSGSR VPPASRCCAL G

31

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

- 60 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

65 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113

KRAQAPAAAL QMAEMDPVAE FPQPPGAARW AEALLRCFTW LRLCQISMFL SLKCLNTRSS 60
HLGAHCR 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

(A) LÄNGE: 246 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114

GCVAGSAGLS RKSPWTEVET ETFLGSPRYS RRVRSYWLL GLMAVRASFE NNCEIGCFAK 60
LTNTYCLVAI GGSENFYSVF EGELSDTIPV VHASIAGCRI IGRMCVGNRH GLLVPNNTTD120
QELQHIRNSL PDTVQIRRVE ERLSALGNVT TCNDYVALVH PDLRETEEI LADVLKVEVF180
RQTVADQVLV GSYCVFSNQG GLVHPKTSIE DQDECLSFQV PCCGDVNEAL SDSWDVYNVS240
FVPETT 246

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

(A) LÄNGE: 180 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115

AQRKENHSSE GTKESSNSL SNSRHGAER GAADSSHGKK ARDSERNHRT TEAEPKPLEE 60

PKHETKKLKN LSEYAQTLQL GWNGLLVLKN SCFPTSMHIL EGDQGVISL LKDHTSGSKL120
 TQLKIAQRLR LDQPKLDEVT RRIKQGSPNG YAVLLATQAT PSGLGTEGMP TVEPGLQRRF180

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

- (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

10

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

MGYNLSPQFT QLLVSRYP R SANFAMQLDR FIQVCTQLQV L TEAFREKDT AVQGNIRLSF 60
 EDFVTMTASR ML 72

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

- (A) LÄNGE: 35 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

35

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

EHTHRCSDQL RLATVSNSVA SKREVYLCPA IGH LG

35

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 118:

- (A) LÄNGE: 40 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

60

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 118

ATLWLAKKEKF ICAQPLVTLG DAPDSRQMLV HWPSSSFLEK

40

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 119:

(A) LÄNGE: 33 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119

QKRSLEFVPSH WSPWVMHQIA GRCWFIGLRP ISS

33

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

(A) LÄNGE: 161 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120

55

LSSSRSFIST SWGAFVFFCL LSCGSLVLAG FEGASTSMV FSEFWASRICW RSFLRFFPDS 60
VMLARALDAR FLRWCRVISP WSITAPTTC LRRRSRFRNTR RRLNSFFFS VRGRLIFPPG120
APIVAIPLQF TVRTSAQRRI RGLRPGLPRA NRNSGAGPRA I 161

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 121:

(A) LÄNGE: 49 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

65

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 121

FFQSARALLQ MELTAREALL QSFFCTFFPP KDIPLGEVSR PLGRRKSGE

49

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 122:

(A) LÄNGE: 25 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

25

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 122

40

KGALLLSKSS ETTTESEGWL QLRIF

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

45

(A) LÄNGE: 25 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 123

WKRESSHLLQG PSFLHPGGLL SSFAF

25

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

(A) LÄNGE: 160 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 124

WLLQLKPHLL AHHPPKGLPH RGAPLYSPRT RPRVAIGPRK AGAEPADPAL SGSTDRELEW 60
 NRDYGSSGGK DQPAPNGAEE EAVQTPAGVE SGAASEAPGG RGCDRPRADH AAPPQEAGVQ120
 CTCQHYTVRE EAQKTPPADP ACPEREDSHG SGSPFKASQD 160

20

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

(A) LÄNGE: 126 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 125

45

PRPRVVAAAV HVPAMGVLCF ACQFPPQGRA PLPARVWEAV QAVLAALGKP RDSHNTPGTV 60
 GLGGTTGNSG LECVCLFLGY ECVSSPRGLL SSHIVWFGVN DGGRHLLIDG RCPPFRESFSPS120
 MGGCRA 126

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

(A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 126

5 PVRAWWLLLC MSLRWESCAQ PVSFLPRAEL PFLQESGRRC RLSWLLWGSR
GTAITPPGQ 59

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127:

(A) LÄNGE: 53 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 127

30 PSARGGCCCA CPCDGLVPS LSVSSPGQSS PSCKSLGGGA GCPGCSGEAE GQP 53

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

35 (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 (A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 128

55 FFFPCQPFIF SGTHEVQLVP GTVHSLKQLK GLSPDTDATL SRMHGPGLTL SMEEVGSARG 60
GRMVARDTES LVLGLWLS 78

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:

60 (A) LÄNGE: 110 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
65 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 129

CALLPPTPSR TEP SLHSTGD SGKGAEDRQE AHRDRPTGSQ AAPEERDIQ TEESLPAPHSF 60
 QDEKNLPPPP DTDAREVGGG SGKFPFPVPP RTSEPSMLNF FFIKITFIL 110

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:

20

(A) LÄNGE: 102 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 130

SLPADVPCCP PPHPAQNHPC IPQGTRARVP KIDKRHTETD QLAARQPQRR ETFRQRKVS L 60
 PLIPSKMRKT CRHPPTLMPG RWEEEVGNFP SQYPQERLSL QC 102

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

45

(A) LÄNGE: 31 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 131

LCQLMCPVAP HPIPHRTIPA FHRGLGQGCR R

31

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

(A) LÄNGE: 166 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 132

GFRPARCDPV PLPTTRSVAG LPVGRVRQLS RPLLGPDTGS VANIFKGLVI LPEMSLVIRN 60
LQRVIPIRRA PLRSKIEIVR RILGVQKFDL GIICVDNKNI QHINRIYRDR NVPTDVLSEF120
FHEHLKAGEF PQPDFPDDYN LGDIFLGVEY IFHQCREDED YNDVLT 166

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

(A) LÄNGE: 244 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 133

FDPKLLLEGKV KEDPDQGESM KPLTFARFYL PILVPSAKKA IYMDDDVIVQ GDILALYN TA 60
LKPGHAAAFS EDCDSASTKV VIRGAGNQYN YIGYLDYKKE RIRKL SMKAS TCSFNPGVFV120
ANLTEWKRQN ITNQLEKWMK LNVEEGLYSR TLAGSITTPP LLIVFYQQHS TIDPMWNVRH180
LGSSAGKRY S PQFVKA AKLL HWNGHLKPWG RTASYTDVWE KWIYIPDPTGK FNLIRRYTEI240
SNIK 244

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 134

PSFIIHSNPI WLKALLWVSH CPSSILGSLR PRGGKIQLRV GGSEPCRIMK ATCFGNDLPL 60
PVV 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 135

DYLRLLSSGFC QNTPLTESTE GMGVGGLGRV RLECEGSLIY AELKSPSLYV HTFVLFSLRI 60
LAIPNPLPR 69

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

(A) LÄNGE: 47 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 136

QPFRYFNTPL SILHFPHLK LNLVERVGLC MCMQEVGVDS ALGWNPP

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 137

VPPCPQLREL CPGVNNQPYL CESGHCCGET GCCTYYYELW WFWLLWTVLI LFSCCCAFRH 60
 RRAKLRLQQQ QRHVEINLLA YHG 83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 138:

(A) LÄNGE: 163 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 138

MADEEKLPPG WEKRMSRSSG RYYYFNHITN ASQWERPSGN SSSGGKNGQG EPARVRCSHL 60
 LVKHSQSRRP SSWRQEKITR TKEEALELIN GYIQKIKSGE EDFESLASQF SDCSSAKARG120
 DLGAFSRGQM QKPFEDASFC AADGGDERAR VSRIPASTSS FRT
 163

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139:

(A) LÄNGE: 88 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 139

WKSQQLHRML LTRTEFWYLS TEVSTMFTCK RLRKKPLKWT GIQSSFSVTH QSDKRLVTTL 60
PGLFSFYNSS SIHNDFVLCI IFFNPLSI 88

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140:

(A) LÄNGE: 21 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 140

CYMHFLTFVK NVTIVKKCTK M

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 141:

(A) LÄNGE: 58 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 141

MEIEQVHFPA YRQLYTDLNI FSSCLVKVKE KGFFLPQDIT FFYITSITHH CFWWKSAE 58

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 142:

(A) LÄNGE: 21 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 142

NSFLTQMMVL QNNKMAEHFH K

21

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:

(A) LÄNGE: 44 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 143

SVTKSGFLIP CHLGDFILLC CFKIQCREVV DCRGNKVNSN FEKK

44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 144:

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 144

NPPNDKVSEI QTSLSHCEN VQPFYCSVKE PSSGSKMNSI NQRIFYTLEK KISSNILEY 60
CKLHFSS 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

- (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 145

KVHTILHFST KSSGVLCLLY KKKLYPVAGK TLSLSLLLN WRKCSSLYKV AYKLESELVQ 60
SPFTF 65

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

25

- (A) LÄNGE: 55 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 146

KIWSREQNHC EWMNCKMKK VQAKLLQVFC HFDESQKMNF GYLSTLRVFS LIFCM 55

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

50

- (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

60

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 147

IPEDPHIDES KAKHQAIIMS TSLRVSPSIH GYHFDTASRK KAVGNIFENT DQESLERLFR 60
 NSGDKKAEER AKIIFAIDQD VEEKTRALMA LKKRTKDKLF QFLKLRKYSI KVH 113

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

- (A) LÄNGE: 88 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 148

MQHFAATLQA SLLSGLQRLE RDRDWKGTRT EQTGYKDSKQ FHALCCYRGE QNAFSKDLKT 60
 LPSLQERIDA DRRAWTDVMR TKENDGWR 88

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149:

- (A) LÄNGE: 143 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 149

VVEGPDCGHH GDAGAEVPRC LWPRSGICGR ECGLGDRWFL RVEDRQDINR QRIQRYAQAF 60
 HTRGSEDLDK DSVEKLELGC PFSPHLSLPM PSVSRSTSR SANWERLRQG TLRRDLRGII120
 NRGLEDGESW EYQI
 134

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 150:

- (A) LÄNGE: 178 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 150

PKLNSKKYPV AHFIDQTLKA KVGQLQLSHN LSLVILVPQN LKHRLEDMEQ ALSPSVFKAI 60
MEKLEMSKFQ PTLTLPRIK VTTSQDMLSI MEKLEFFDFS YDLNLCGLTE DPDLQVSAMQ120
HQTVLELTET GVEAAAASAI SVARTLLVFE VQQPFLFVLW DQQHKFPVFM GRVYDPRA 178

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151:

(A) LÄNGE: 244 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 151

STLELINTWV AKNTNNKISR LLDSLPSDTR LVLLNAIYLS AKWKTTFDPK KTRMEPFHFK 60
NSVIKVPMMN SKKYPVAHFI DQTLKAKVGQ LQLSHNLSLV ILVPQNLKHR LEDMEQALSP120
SVFKAIMKEL EMSKFQPTLL TLPRIKVTTS QDMLSIMEKL EFFDFSVDLN LCGLTEDPDL180
QVSAMQHQT VLELTETGVEA AAASAVISVAR TLLVFEVQQP FLFVLWDQQH KFPVFMGRVY240
DPRA 244

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152:

(A) LÄNGE: 99 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 152

5 MKVSAALLCL LLIAATFIPQ GLAQPDAINA PVTCCYNFTN RKISVQRLAS YRRITSSKCP 60
KEAVIFKTIV AKEICADPKQ KVVQDSMDHL DKQTQTPKT 99

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153:

- 10 (A) LÄNGE: 119 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 153

30 ANRIVLGGF SQGGALSLYTA LTCPHPLAGI VALSCWLPLH RAFPQAANGS AKDLAILQCH 60
GELDPMVPV RFGALTAEKLR SVVTPARVQF KTYPGVMHSS CPQEMAAVKE FLEKLLPPV 119

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154:

- 35 (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 154

55 VFFFTAENWW YFHIHSVSIQ FQYPHLMRKK CFTNEGGILK LAVMLGWRKF GI 52

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:

- 60 (A) LÄNGE: 25 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

65 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 155

FFFLQKIGG IFTFIVFLSN FSTHI

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

(A) LÄNGE: 40 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 156

ISCNVRLEKI WYLG YFQGTI KSDFCFFVKK NFFNQYCFYK

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:

(A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 157

NANYCIHHKL KKRTCIRRLK TRKKIQHPNM YSQEGNQFCN RTGIMNYKQE GVEKEEKKMC
IEFKTL

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:

(A) LÄNGE: 23 Aminosäuren

(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 158

PCCEVLAVGV NVWKCSQQVC WGV

23

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 159

PAVKSQVLV MCGNAVSKFA GEFDKSIQN KKSLGIILFH DFFCSFTPEG RNGLQQVVEE 60
EGGEQVY 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

(A) LÄNGE: 108 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 160

EGEPACSGIQ ARRVTCPSP RDASPAPASE TSLSVPATLV GGSDLIHFQV GSGPTPGPAE 60
DRAARPSWLT LQLALGWGGR ELMSVASLSW GFPACPVVSC PRCYRGCA 108

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 161

- (A) LÄNGE: 20 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 161

FCSTTSSVAL HQKEGMGYR
20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 162:

- (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 162

IPGLKYFVGI AYYIILADEP QDNGYRHTHT YTHTKSQLLK SGLGIRLLCP VKNSCTEVIV 60
T 61

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:

- (A) LÄNGE: 22 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 163

LMNLRRTTATD THIHTRTQNL SC

22

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

(A) LÄNGE: 37 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 164

TSGQRLQTHY YIIAHKISAV EEAWNQTSV SSKLLH

37

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

(A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 165

TVPFSVVSASG FHLIFFALPI LFQPVAKNHE TRQWKHRHRR RGPSCALKAG KTASGAGEVV 60
RCLSEQSVAI SR 72

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:

(A) LÄNGE: 354 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 166

DRVSAVALPK LPISLTNTDL KVASDTQFYP GLGLALAFHD GSVHIVHRLS LQTMAVFYSS 60
AAPRPVDEPA MKRPRTAGPA VHLKAMQLSW TSLALVGIDS HGKLSVLRLS PSMGHPLEV120
LALRHLLFLL EYCMVTGYDW WDILLHVQPS MVQSLVEKLH EEYTRQTAAL QQVLSTRILA180
MKASLCKLSP CTVTRVCDYH TKLFLIAISS TLKSLLRPHF LNTDPKSPGD RLTEICTKIT240
DVDIDKVMIN LKTEEFVLDN NTLQGAAAL AVGGRLRAVP AGQPTQPGFP AEAGPQLSAG300
RHLAGHASGI DGGHPHLGPS EAQLPARVYG HLGYPGQHVP ALPPAHQALD LLSR 354

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167:

(A) LÄNGE: 275 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 167

GSQSRLGISS WLGSRQHSST SASSGSLAGP SSRQQIQSLV SRRKSRDMLS WVSEVAVYTG 60
RQLGFRRPQM RMTTINSRSM PSEVPSRRKL WPGLSREPWL GRLASRYSTK SPTHCKSCCS120
ALQCVHVQHK FLRLVDHDL VNVDVGDIGA DLGQPVAGAL VRRVEKVGAQ QRLQGGADGD180
EEELGVVVAH AGHRAGRQLA ERGLHGQDPG GEDLLQGSGL ARVLLVQLLH QALYHTGLHV240
QQDVPPVAG HHAFLQEEQ VPQRQPHLQR VAHGR 275

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

(A) LÄNGE: 25 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 168

LISTSEEVLT FSMLHRNWYN MPSVY

25

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169

(A) LÄNGE: 20 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 169

LKLLAWSYLH SFCVLFASCI

20

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:

(A) LÄNGE: 32 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 170

55

LLACCTETGI TCLQYTNTHM LSFVLEWQLT RS

32

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:

(A) LÄNGE: 50 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

65

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 171

IALSCCFNVV HTIASQTCYS SVICSVVTKV TGLVLFAQFL RLVCFHLIN

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:

(A) LÄNGE: 51 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 173

EHYTIGFQYC THKIHTCVQK VSSRLVIPF TWKINEGNLY ILYKNKSKFI Y

:

(A) LÄNGE: 239 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 173

LFIHFRNNTN NWREIPENLM DQYSEVNAIS TACSNGVPEC EEMVSGLFKQ WMENPNNNPI 60
HPNLRSTVYC NAIAQGGEED WDFAWQFRN ATLVNEADKL RAALACSKEL WILNRYLSYT120
LNPDLIRKQD ATSTIISITN NVIGQGLVWD FVQSNWKKLF NDYGGGSFSF SNLIQAVTRR180
FSTEYELQQL EQFKKDNEET GFGSGTRALE QALEKTKANI KWVKENKEVV LQWFTENSK 239

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:

(A) LÄNGE: 106 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 174

MYVENHCSR P ALLLQLWGRG SPAQARGWQG VRNSPVACSS PFRQEHCMSE HFKNRPACLG 60
 ARSP PQGHKW GESPSQGTQA GAGKCRACGK RVSEGDRNGS GGGKWG 106

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:

(A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 175

HRFILKGGKIS HIIKQWKMC S MLWCVRPSVY QVSPAFCRAV DPVRTKQVNL VHLSFFLFLH 60
 ICIYIFLY 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 176:

(A) LÄNGE: 51 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 176

TLSYNSLNTY LSFKLPSVYG SSSSECRCFI VNQGKMLIIW RLFSYYQMYN P

51

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 177:

(A) LÄNGE: 27 Aminosäuren

10

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 177

KQQLLGSLTK IIKIITFKVE FLAKVKN

27

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 178:

(A) LÄNGE: 29 Aminosäuren

35

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 178

TYIFPFETES YPADSWHSCI ALTECSLSS

29

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179

(A) LÄNGE: 24 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

60

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 179

GERKVVTPVT VPYSSCCFST PRDC

24

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:

(A) LÄNGE: 30 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 1780
TQESKLLFSP NVFVIFCYIL GHVTFMVKL

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 181:

(A) LÄNGE: 189 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 181

MRAWIFFLLC LAGRALAAPQ QEALPDETEV VEETVAEVTE VSVGANPVQV EVGEFDDGAE 60
ETEEVVVAEN PCQNHCKHG KVCELDENNT PMCVCQDPTS CPAPIGEFK VCSNDNKTFD120
SSCHFFATKC TLEGTKKGHK LHLDYIGPCK YIPPCLDSEL TEFPLMRDW LKNVLVTLYE180
RDEDNNLLT 189

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 182:

(A) LÄNGE: 85 Aminosäuren

(B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 182

KQKLRVKKIH ENEKRLEAGD HPVELLARDF EKNYNMYIFP VHWQFGQLDQ HPIDGYLSHT 60
 ELAPLRAPLI PMEHCCTTRFF ETVTX 85

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183

25

(A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 183

YANQSSSLRF KIKYKLLCFS THSGSIVPEP DCYFFILNII FPHLICLPLI HRHLEKEMGG 60
 CLLSLSLCFV PVVRLAASVA RWAWLEPWVR QVAGGDRERL RGKWWHLLL 109

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

50

(A) LÄNGE: 33 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

60

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 184

SLFLSSTGVS APLQGQSKSL HPEPPPIPVH FSR

33

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

(A) LÄNGE: 46 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

10 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 185

25 HSFSARLEFL HLCRGKVSPC TLNHPPFLFI SADNDGGGGV SIVLRV

46

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186:

(A) LÄNGE: 105 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 186

50 VEGTCS DGVF SGFLAPGCAV HRPHRPWPQH PQQGQWKCQS SKCHHFPLSL SLSPPATCLT 60
HGSNQAH RAT DAASLTGTGK QRERDNRHPP ISFSKCLWMR GRQIR 105

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

(A) LÄNGE: 73 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

60 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 187

RGHAVTEYLV GSELLAVQFT GPTGLGPSIP SRDSGSVRV NATTSLSASP CPRQPPASPT 60 10
ALTKPTEQLT LPV 73

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188:

15

(A) LÄNGE: 28 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 188
MFFIFFMLSI QALFHGQQVI FHNVDFFK

28

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189:

(A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

50

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 189

LLNTAILWLL LVFLWYVVWE CLWNYQYLKF SKEPWKSITL NESLSLYMNY VLKFDQLSLR 60
HKTVI 65

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

(A) LÄNGE: 30 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

65

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 190

CFSFFSCYLS KHCSMVSKSY FIMWIFQNNY

30

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
25 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 191

FFFFVTNVFY LFINKKCIVQ ALYPNPSTQK KINNRPWMAQ T

41

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192

(A) LÄNGE: 29 Aminosäuren
50 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55 (iii) HYPOTHETISCH: ja

60 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

65 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 192

YKPFIPIQVL RKRLTTDPGW HRHNLEFGVI
29

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193:

- (A) LÄNGE: 33 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 193

20

SSHMTNTYD FSRNIIRRL NLLQQQKFN PLN

33

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194:

- (A) LÄNGE: 153 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 194

45

TPLRKEVLKS KMGKSEKIAL PHGQLVHGIH LYEQPKINRQ KSKYNLPLTK ITSAKRNENN 60
 FWQDSVSSDR IQKQEKPKFK NTENIKNSHL KKSAPLFEVS QKENYAGAKF SDPPSPSVLP120
 KPPSHWMGST VENSQNREL MAVHLKTLK VQT 153

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195:

- (A) LÄNGE: 304 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 195

10 SLYYYGIRDL ATVFFYMLVA IIIHAVIQEY MLDKINRRMH FSKTKHSEFN ESGQLSAFYI 60
FACVWGTFIL ISENYISDPT ILWRAYPHNL MTFQMKFFYI SQLAYWLHAF PELYFQKTKK 120
EDIPRQLVYI GLYLFHIAGA YLLNLNHLGL VLLVLHYFVE FLFHISRLFY FSNEKYQKGF 180
SLWAVLFVLG RLLTLILSVL TVGFGLARAE NQKLDFSTGN FNVLAVRIAV LASICVTQAF 240
MMWKFINFQL RRWREHSAFQ APAVKKKPTV TKGRSSKKGT ENGVNGTLTS NVADSPRNKK 300
15 EKSS 304

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196:

20 (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 196

40 LYKIIHIKYI ECTKKMSKIF DTRSGQIRKQ FFSSYLGSYW LVFEKNNKSR RYEGNSSHNS 60
HPLIHTSQRK EKQEC
75

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 197:

(A) LÄNGE: 46 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
50 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
60 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 197

65 VKSLTPEVDR SGNNFSQVIW DLTGWYLRKI INPGGTRAIL PTTHTP

46

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 198:

- (A) LÄNGE: 23 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 198

20

YIFPPCLCDL LFILYYCPMY FLN

23

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 199:

25

- (A) LÄNGE: 46 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 199

HKREITCSTA AKVFSFQRIF LEVSNIYFPL VSVISYLYYI IVPCTF

46

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 200

50

- (A) LÄNGE: 281 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

60

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

65

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 200

SGSAGPGPRG PRATESGKRM DCPALPPGWK KEEVIRKSL SAGKSDVYYF SPSSGKKFRSK 60
 POLARYLGNT VDLSSFDERT GKMMPSKLQK NKQRLRNDPL NQNGKGPDLN TTLPIRQTAS120
 IFKQPVTKVT NHPSNKKVSD PQRMNEQPRQ LFWEKRLQGL SASDVTEQII KTMELPKGLQ180
 5 GVGPGSNDET LLSAVASALH TSSAPITGQV SAAVEKNPAV WLNTSQPLCK AFIVTDEDIR240
 KQEERVQQVR KLEEALMAD ILSRAADTEE MDIEMDSGDE A 281

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201:

- (A) LÄNGE: 198 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 15 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:201

30 KMTTAARPTF EPARGGRGKG EGDLSQLSKQ YSSRDLPST KIKYRQTTQD APEEVRNRDF 60
 RRELEERERA AAREKNRDRP TREHTTSSSV SKKPRLDQIP AANLDADDPL TDEEDEDFFEE120
 ESDDDDTAAL LAELEKIKKE RAEKGQGP GK PRAKKALRG GRVSFWENIG WAGNPFPLIL180
 35 SLAHSKLLKAD FEKFERRV 198

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202:

- 40 (A) LÄNGE: 55 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:202

VLIFLVFLLD GKAVGINRGQ RLMLEWPVEV VEQSSHLLSG AVSGWVYLKA TKCFG 55

60 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 203:

- 65 (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:203

SPGFFLSLPF STGXAWASSS CHPSRKAPAP SCLPAACIQG QSSGLQTGLV PPPLQGMGVG 60
EGAFKK 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 204:

(A) LÄNGE: 161 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:204

HLGYGKLLWC VVGFLFSFLS FFSPFSLAF SFPFPSPLAK LGPHPHVILL GRRLPHLVCR 60
QHASKARAQA CRLGWCLLRF RVWELVKGLS KNNKKKKVKS LVASIHSDPG RQQGFVDLDS120
LGMSSCQPGQ DPGLPRAEAL PATRIPPLWG LCVQRSGSET S 161

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 205:

(A) LÄNGE: 37 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 205

LDLVFIVEH TYQGEVLHTQ LQIIFGKKAV KKIKLQLL

37

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 206:

(A) LÄNGE: 32 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 206

ENYFAF'SVNL RSVLNKVQSS ARPFPSLMSA LG 32

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 207:

(A) LÄNGE: 102 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 207

CMLQINLYFF PLGFSKNTT STPNEHGTCL FLPLLIYSRF SSVFFSNAAF SCSSGLLSGS 60
IVAKDSIRST LHSDVKHSHC LDSSFLSSN SITDKASVLT DE 102

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 208:

(A) LÄNGE: 34 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 208

VLFSKEYVID LQVSSRISAK ASGSACSSSK SINP

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 209:

(A) LÄNGE: 43 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 209

VAHWQGDQKH YFHTCVMILF FLRESHSVAR LGVQWHDLGS LQP

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 210:

(A) LÄNGE: 204 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 210

DLTFEQIRKL NPAANHRLRN DFPDEKIPTL REAVAECNLH NLTIFFDVKG HAHKATEALK 60
 KMYMEFPQLY NNSVVCFLP EVIYKMRQTD RDVITALTHR PWSLSHTGDG KPRYDTFWKH120
 FIFVMDILL DWSMHNILWY LCGISAFMLQ KDFVSPAYLK KWSAKGIQVV GWTVNTFDEK180
 SYYESHLGSS YITDSMVEDC EPHF 204

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 211:

(A) LÄNGE: 25 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 211

KLNPVLPPCT MACQSSTLLL LKIWV

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 212:

(A) LÄNGE: 22 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 212

IVQFADADVN AWDMDNSEL TF

22

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 213:

(A) LÄNGE: 196 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 213

NVNSELSCMS HAFTSASANC TIQSVLILTG SPCVPQLGQG RGSCAFFQTQ IFKSNSVELW 60
HAMVHGGNTG FSGSGKNAV TNYCICVSHL IPQGLG 196

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 214:

- (A) LÄNGE: 33 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 214

20

SFKVTLWKSE TRGCHEGSFS FSEEKIGMGY RTI

33

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 215:

- (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 215

45

NSKVDVIFTP MSICPISVSS SPLGIYSLYV NKIRSSDSLI QSSSFSSLFL CRLLDIYCST 60
 T 61

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 216:

- (A) LÄNGE: 24 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 216

PMYKIAKCLL FIKRCNGVGG RGNF

24

Patentansprüche

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
 - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq ID No. 3, 4, 6, 8, 11, 15, 17, 21, 23, 24, 26, 33, 35, 36, 40, 43, 45, 46, 50, 52, 53 und 56-62,
 - b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen,
 - oder
 - c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos. 3, 4, 6, 8, 11, 15, 17, 21, 23, 24, 26, 33, 35, 36, 40, 43, 45, 46, 50, 52, 53 und 56-62, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 64, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Prostatatnormalgewebe erhöht exprimiert sind.
4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 64, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.
8. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 2500 bp aufweist.
9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 150 bis 2000 bp aufweist.
10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.
19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.
20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 64 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
22. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID Nos. 67, 70, 71, 73, 81, 84, 89, 93, 109, 111, 114, 116, 137, 139, 149, 153, 164, 166, 172, 181, 182, 188, 193 und 196-216.
23. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
25. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 65 bis Seq. ID No. 216, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Prostata-Krebs.
26. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 64 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Prostata-Krebs verwendet werden können.
27. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 64 in sense oder antisense Form.
28. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 65 bis Seq. ID No. 216 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Prostata-Krebses.
29. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 65 bis Seq. ID No. 216, zur Herstellung eines Arznei-

mittels zur Behandlung des Prostata-Krebses.

30. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 65 bis Seq. ID No. 216.

31. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.

32. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist. 5

33. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 64.

34. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.

35. Verwendung gemäß Anspruch 34, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/oder Enhancer ist. 10

36. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 400 bis 1900 bp aufweist.

Hierzu 10 Seite(n) Zeichnungen

15

20

25

30

35

40

45

50

55

60

65

- Leerseite -

Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

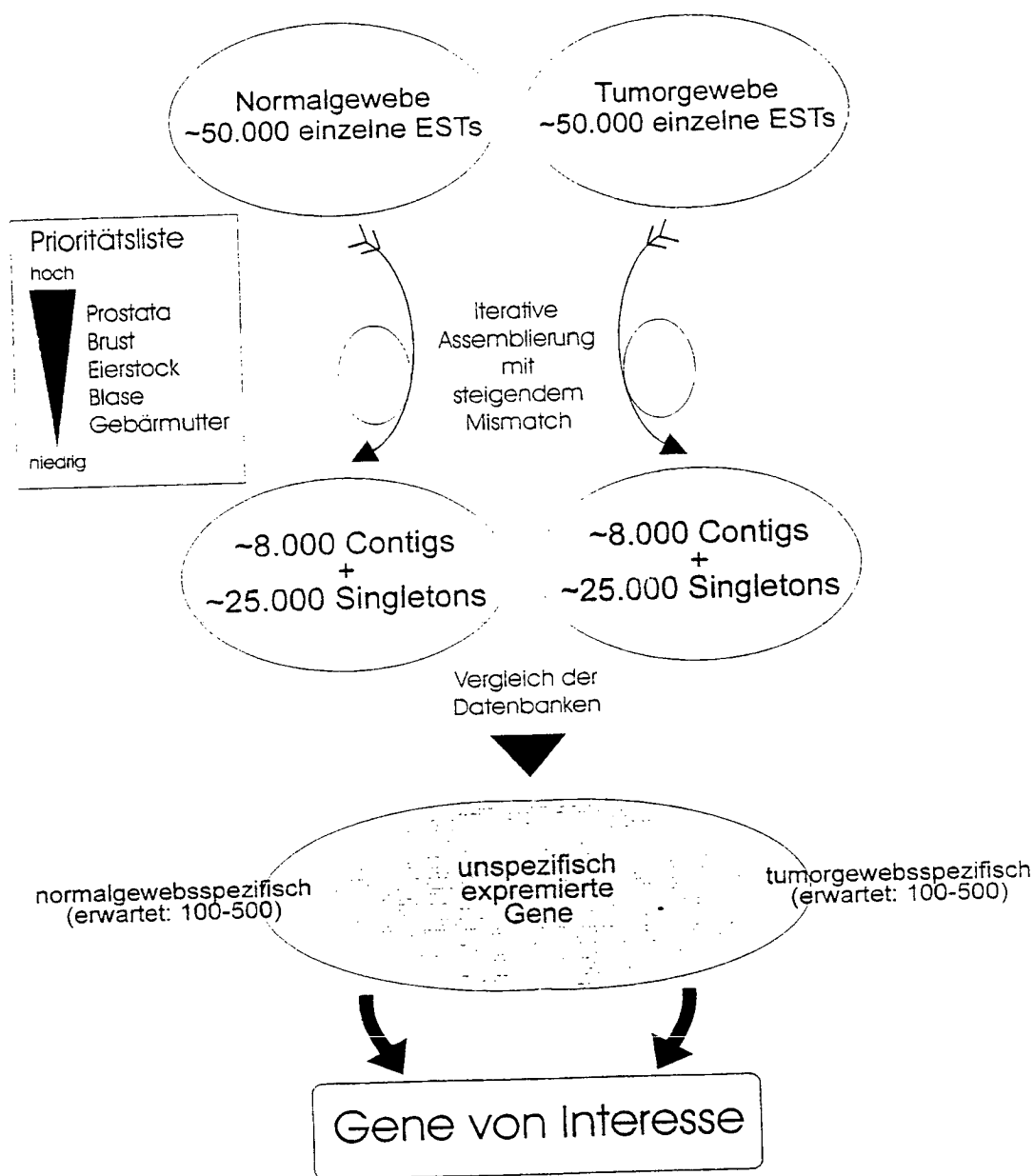


Fig. 1

Prinzip der EST-Assemblierung

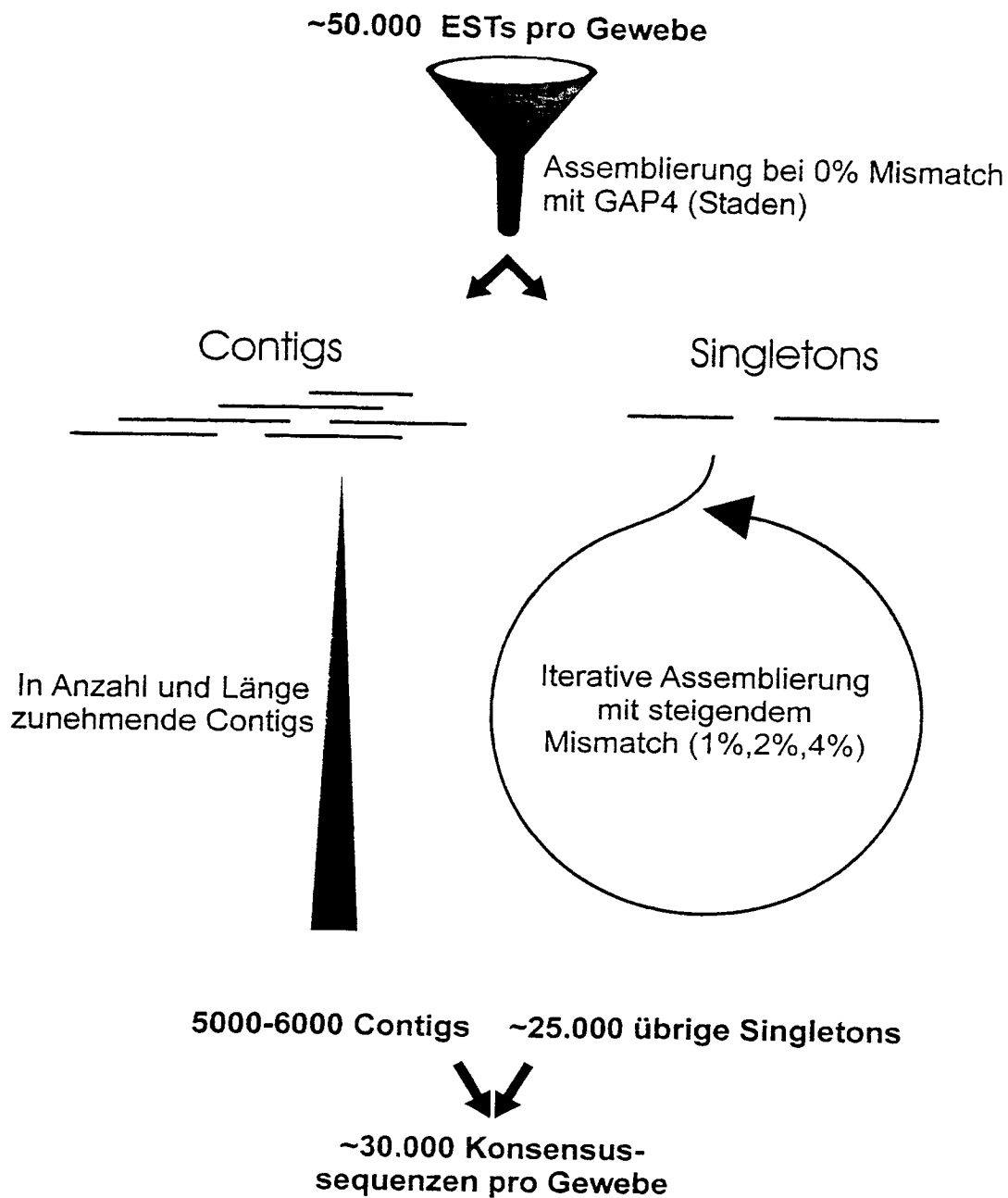


Fig. 2a

~50.000 ESTs
eines Gewebes
(z.B.: Prostata Tumor)

GAP4 assembly 1. Runde:
minimum initial match: 20
maximum pads per read: 8
maximum percent mismatch: 0

GAP4-Datenbank 1:

Contigs 1 Singletons 1

nicht
assemblierte
ESTs

GAP4 assembly 2. Runde:
minimum initial match: 20
maximum pads per read: 8
maximum percent mismatch: 1

GAP4-Datenbank 2:

Contigs 2 Singletons 2

nicht
assemblierte
ESTs

GAP4 assembly 3. Runde:
minimum initial match: 20
maximum pads per read: 8
maximum percent mismatch: 2

GAP4-Datenbank 3:

Contigs 3 Singletons 3

nicht
assemblierte
ESTs

Fig. 2b1

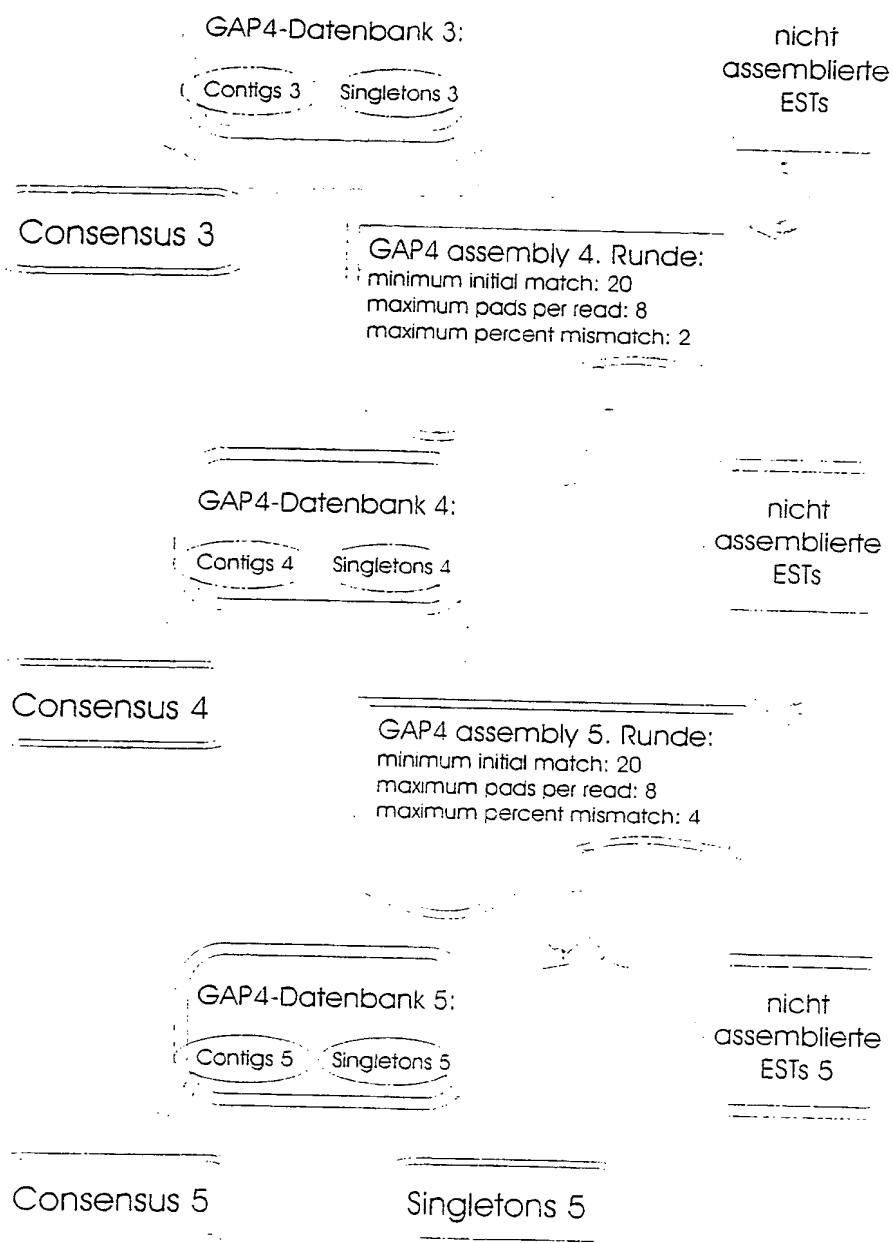
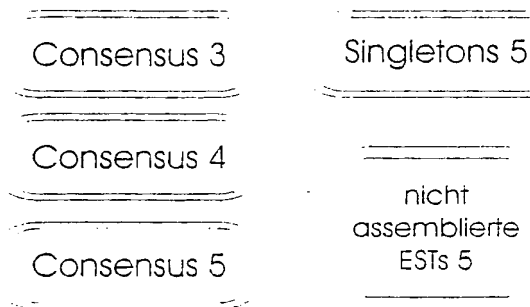


Fig. 2b2



GAP4 assembly 6. Runde:
minimum initial match: 20
maximum pads per read: 8
maximum percent mismatch: 4

assemblierte Datenbank
eines spezifischen Gewebes
(z.B.: Prostata Tumor)

Fig. 2b3

assemblierte Datenbank
eines spezifischen Gewebes
(z.B.: Prostata Tumor)

Consensus 6

Einlesen als Singletons

Datenbank eines
spezifischen Gewebes
(z.B.: Prostata Tumor)

Datenbank eines zweiten
spezifischen Gewebes
(z.B.: Prostata Normal)

GAP4 assembly
minimum initial match: 20
maximum pads per read: 8
maximum percent mismatch: 4

Tumor-Gewebs-
spezifische
ESTs

nicht Gewebs-
spezifische
ESTs

Normal-Gewebs-
spezifische
ESTs

Fig. 2b4

In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

~30.000 Konsensussequenzen
Normalgewebe

~30.000 Konsensussequenzen
Krebsgewebe

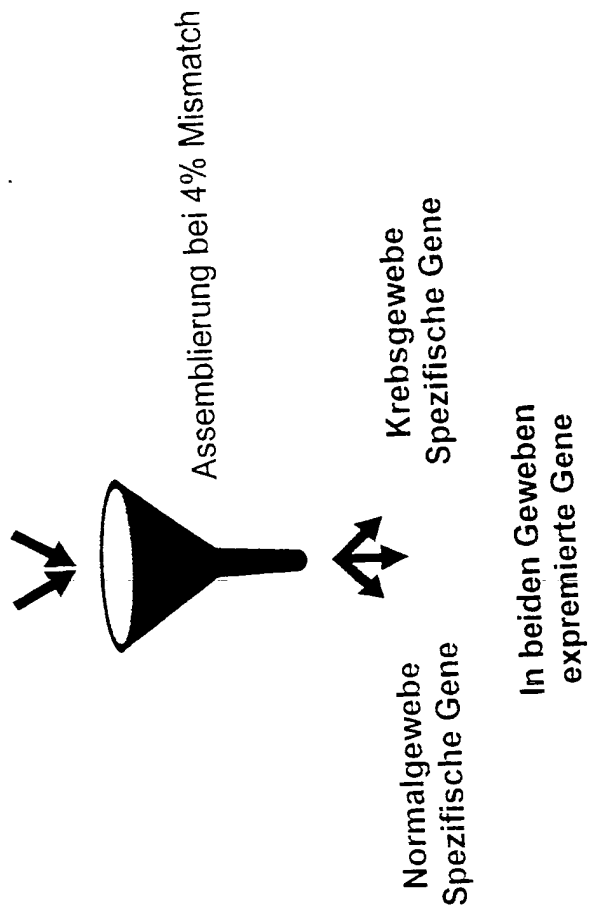


Fig. 3

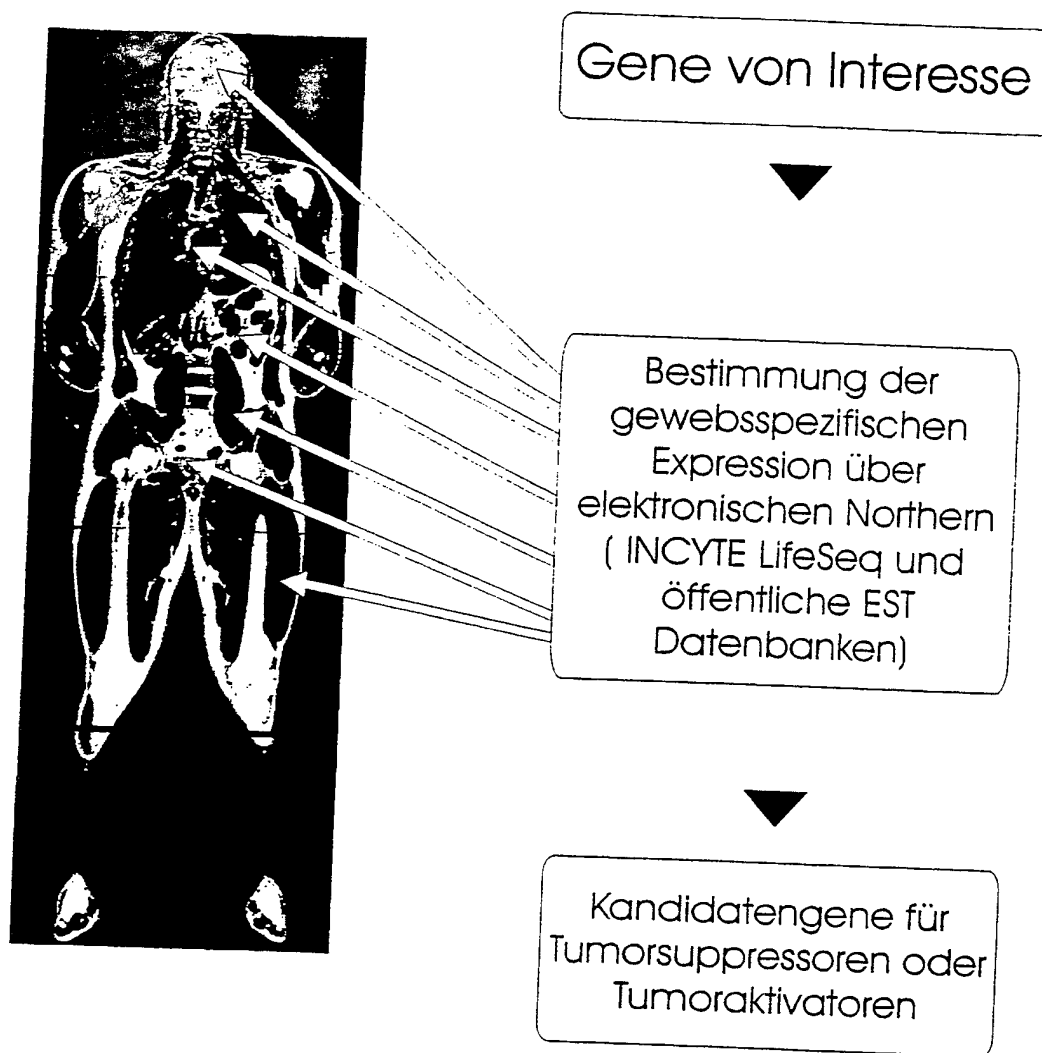


Fig. 4a

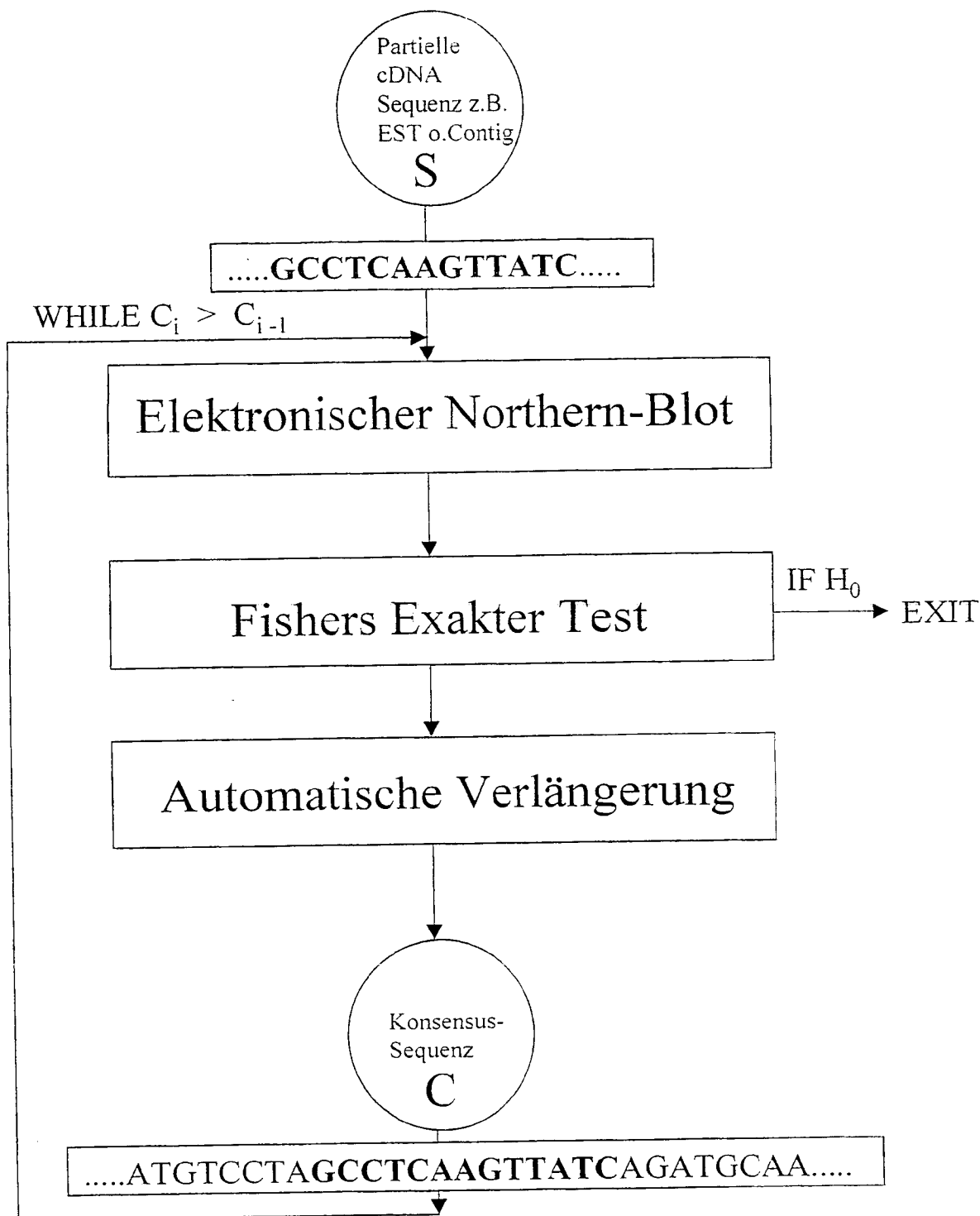


Fig. 4b

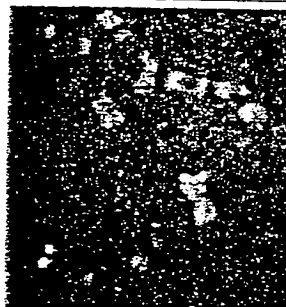
Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen



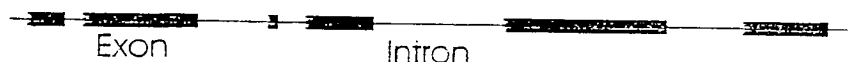
Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5